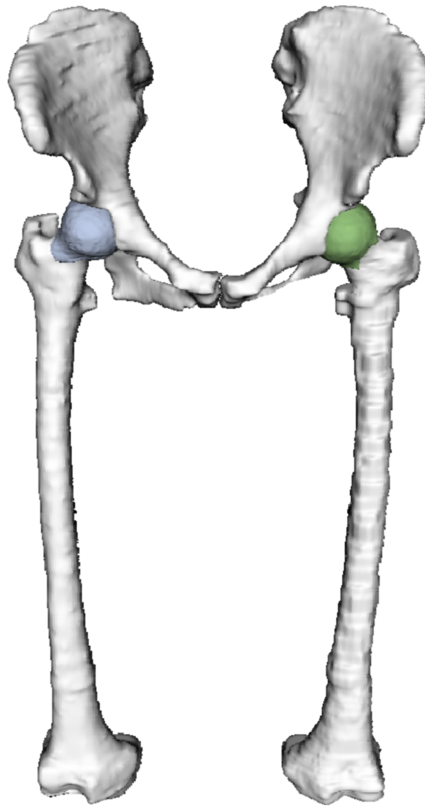
Mémoire de Licence en Système d'Information et de Communication, orientation Technologie



Recalage de modèles 3D à partir d'IRMs en utilisant des contraintes géométriques pour la modélisation anatomique des tissus mous

Caecilia Charbonnier

Juillet 2004 – Septembre 2004

Directeur: Nadia Magnenat-Thalmann
Assistant responsable: Benjamin Gilles

MIRALab – University of Geneva

Table des matières :

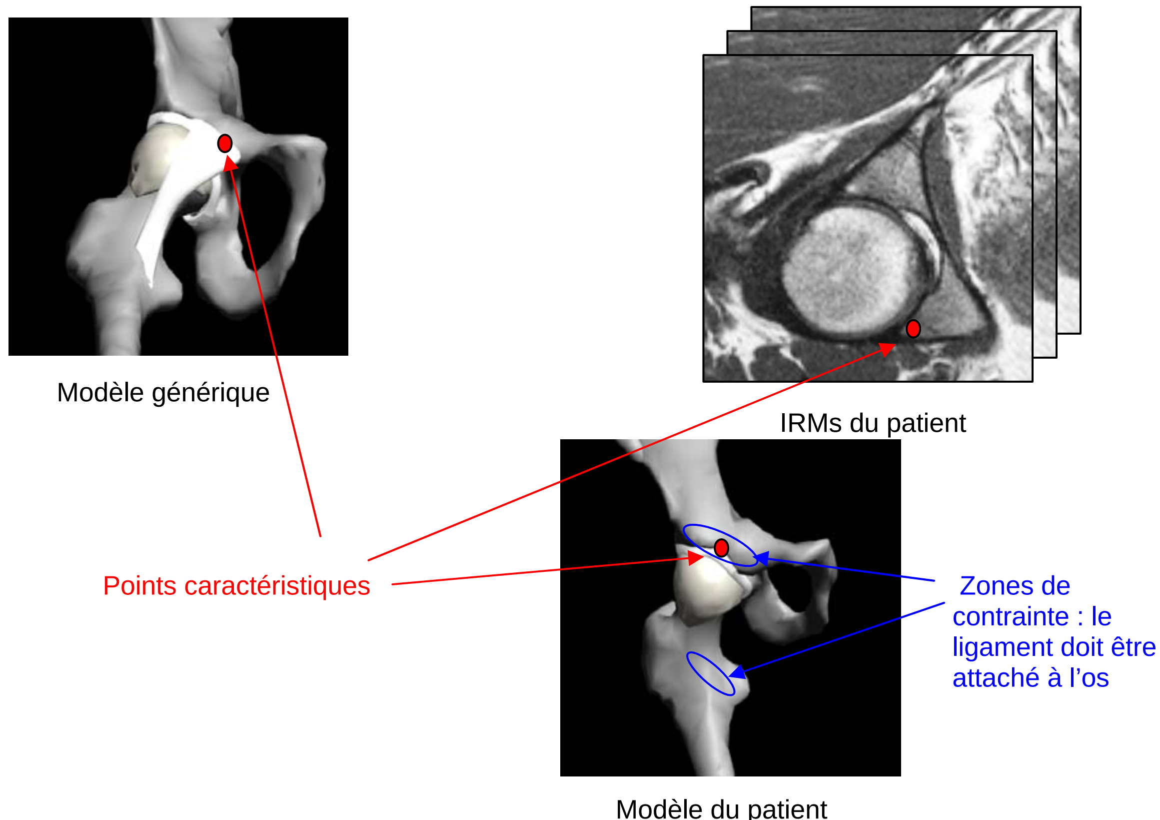
1 Introduction

Exposition du problème et besoins

Ce mémoire de licence s'insère dans le cadre du projet COME, dont le but fondamental est d'étudier, analyser et démontrer le potentiel que la technologie de l'information offre pour l'optimisation des interventions médicales afin d'améliorer le diagnostic et le traitement des patients.

La contribution de MIRALab consiste en l'élaboration d'un outil de modélisation anatomique et fonctionnelle de l'articulation de la hanche à partir de l'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM). Dans ce cadre, une modélisation tridimensionnelle précise de la hanche est nécessaire. Or, la segmentation des organes , c'est à dire leur identification sur les images, en particulier celle des cartilages et des ligaments, est une tâche difficile à réaliser automatiquement à cause du bruit dans les images et de leur résolution limitée (environ 1mm).

Afin d'obtenir des modèles précis des organes des patients, MIRALab propose d'utiliser des modèles génériques (ligaments, cartilages, labrum) et de les adapter aux patients en utilisant deux types de données : des données issues des images du patient (segmentation de zones caractéristiques des organes) et des contraintes géométriques issues de propriétés anatomiques et topologiques.



Le travail de ce mémoire consiste alors en la conception d'une application permettant de modéliser des modèles 3D réalistes de la hanche en tenant compte des propriétés anatomiques et en s'appuyant sur les IRMs correspondants.

1.2 L'anatomie de la hanche

L'articulation de la hanche, dite coxo-fémorale, unit le bassin (os iliaque) à l'extrémité supérieure du fémur. Il s'agit d'une articulation de type énarthrose qui, grâce à sa forme, permet une grande liberté de mouvement. L'extrémité supérieure du fémur présente une tête dont son volume est égal aux 2/3 d'une sphère. Sa valeur angulaire est de 240°. Dans sa partie centrale, elle est creusée par la fossette du ligament rond qui en assure sa vascularisation. La cavité cotyloïde (ou acétabulum) est un segment de sphère creuse. Sa courbure est parfaitement adaptée à la courbure de la tête fémorale mais sa valeur angulaire n'est que de 180°. Cet emboîtement partiel autorise le mouvement. La surface articulaire ressemble à un fer à cheval dont l'ouverture est située vers le bas. Celle-ci est recouverte d'une épaisse couche de cartilage hyalin (cartilage articulaire) : en moyenne 2 mm. Le pourtour de l'acétabulum est prolongé par un anneau incomplet de fibro-cartilage : le labrum. Celui-ci augmente la stabilité articulaire sans limiter son amplitude (figure 1). Le ligament transverse, dont les fibres se confondent avec les extrémités du labrum est à la fois souple et très résistant. Il complète la surface articulaire. Finalement, l'articulation elle-même est solidement enveloppée par une capsule articulaire (figure 2). L'intérieur de celle-ci est tapissé d'une muqueuse sécrétant le liquide synovial qui d'une part nourrit le cartilage et d'autre part lubrifie l'articulation afin d'assurer son glissement exempt de friction. Les os sont reliés par les ligaments ilio-fémoral, ischio-fémoral et pubo-fémoral qui assurent à l'articulation la stabilité nécessaire (figure 2). Les muscles et les tendons permettent à l'articulation de bouger.

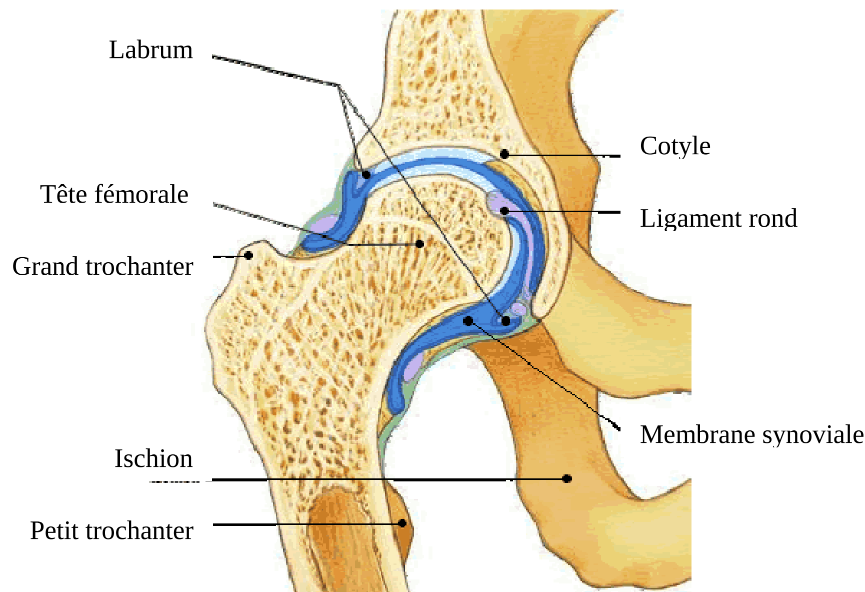


Figure 1 : L'articulation de la hanche[1] (coupe frontale)

[1] www.doctissimo.fr/html/ sante/atlas/img/45b.gif

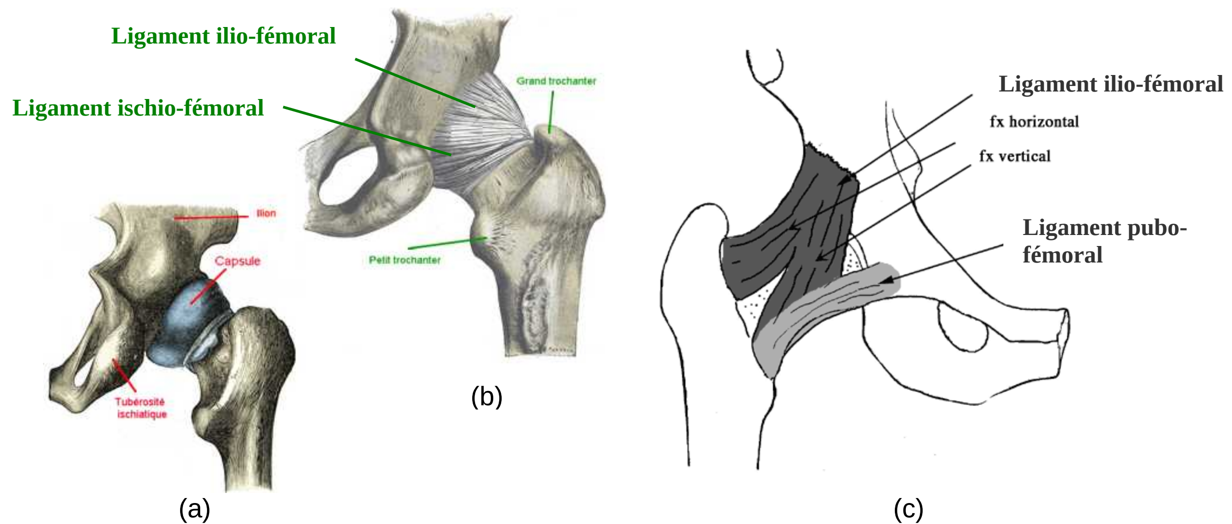


Figure 2 : (a) Capsule articulaire (en bleu) (b) Ligaments de la hanche, face postérieure[2]
(c) Ligaments de la hanche, face antérieure[3]

Cette articulation est à la fois très stable et très mobile. Elle parvient à concilier des impératifs contradictoires de mobilité et de stabilité. De plus, elle assure la jonction tronc-membre inférieur et en ce sens supporte la moitié du poids du buste, de la tête, des membres supérieurs et du bassin en position debout et appui bi-podal (sur les deux pieds) mais supporte en réalité des contraintes bien supérieures dès lors que le corps est en mouvement.

Pour ce projet, nous nous concentrons sur les ligaments et les cartilages de la hanche, ainsi que les os. La reconstruction de ces différents tissus est réalisée à partir des IRMs du patient et des données segmentées (technique des « Marching cubes[4] »). En ce qui concerne les os, ceux-ci sont clairement identifiables sur les images et peuvent être modélisés facilement (figure 3).

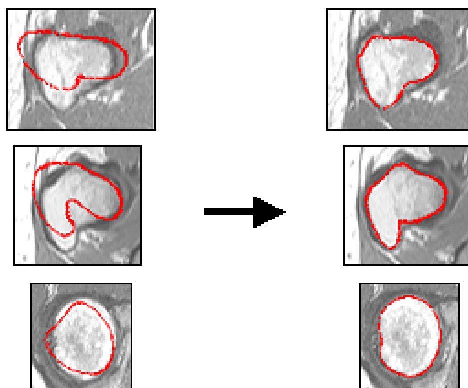


Figure 3 : Segmentation automatique des os, on remarque qu'ils sont facilement identifiables

[2] http://www.letempledelaforme.com/article21.html
[3] http://perso.wanadoo.fr/d.lefebvre/bertin.htm
[4] http://www.exaflop.org/docs/marchcubes/ind.html

En revanche, les tissus mous comme les ligaments, posent beaucoup plus de problèmes. Effectivement, les ligaments sont peu apparents et leurs zones d'insertion et leur orientation exactes demeurent floues. Ainsi, on se voit dans l'impossibilité de modéliser ceux-ci directement d'après les IRMs. C'est pourquoi, nous utilisons des modèles génériques qu'il s'agit de recaler sur les os du patient en prenant en compte l'information limitée des IRMs.

La segmentation des cartilages, quant à elle, est relativement aisée. Nous savons que les cartilages doivent coller à l'os. Or, lors de leur reconstruction à partir des images segmentées, on constate que ceux-ci conservent leur orientation d'origine mais ne sont malheureusement pas parfaitement collés. Ceci provenant de défauts dans la méthode de reconstruction des Marching cubes. Nous allons donc nous servir des cartilages issus des données segmentées du patient et les recaler pour qu'ils respectent les contraintes anatomiques. Le cartilage d'un patient peut être aussi utilisé de manière générique et être recalé sur les os d'un autre patient, mais le résultat sera par conséquent moins bon.

Voici un tableau illustrant les données disponibles dans le cadre de ce projet :

Données	**Origine**
IRMs	Patient
Données segmentées	Patient
Os	Patient
Ligament transverse	Générique
Ligament rond	Générique
Ligament ilio-fémoral	Générique
Ligament ischio-fémoral	Générique
Ligament pubo-fémoral	Générique
Capsule articulaire (union des ligaments ilio-fémoral, ischio-fémoral et pubo-fémoral)	Générique
Cartilage fémoral	Patient
Cartilage de l'acétabulum	Patient

Tableau 1 : Données disponibles et leur origine

1.3 Solutions apportées et objectifs

Comme il est de coutume dans l'animation 3D, nous utilisons dans ce projet des modèles discrets, c'est à dire que la représentation des objets de notre étude - que ce soit les os ou les modèles génériques - est composée d'un ensemble de polygones (mesh) qui sont eux-mêmes définis par un ensemble de points interliés formant des arêtes (figure 4). C'est cette propriété géométrique qu'il s'agit d'exploiter.

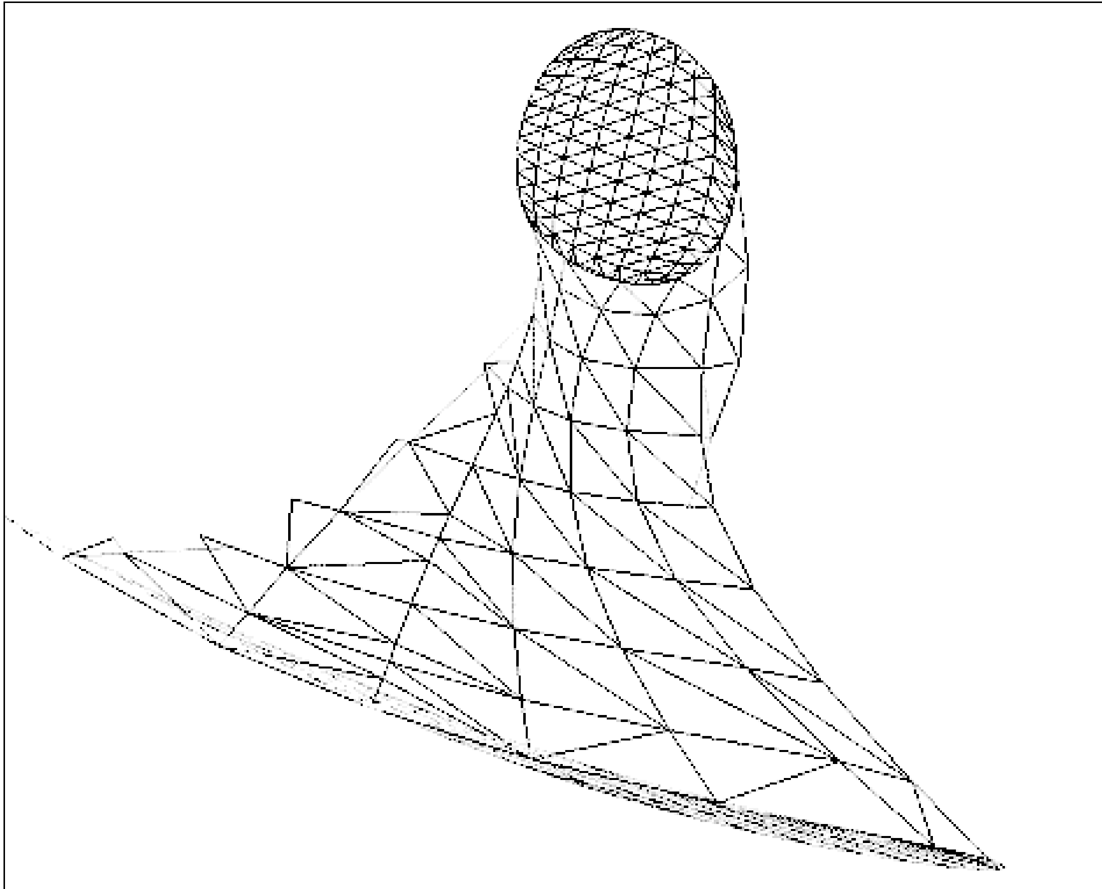
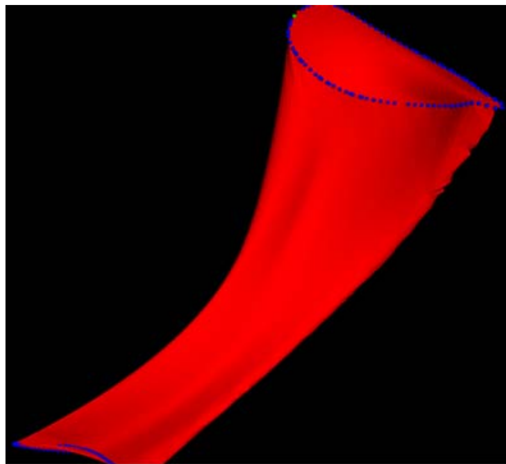


Figure 4 : Modèle discret

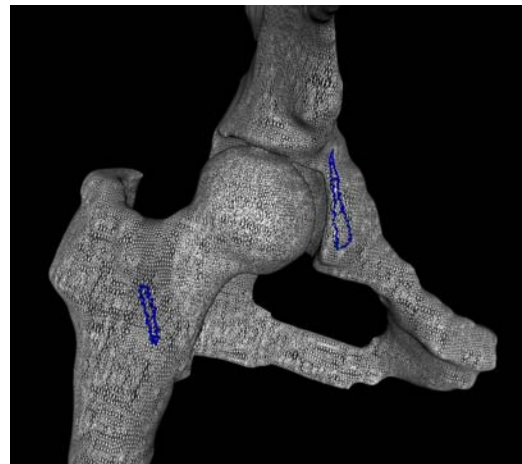
En effet, pour modéliser l'articulation de la hanche du patient (recalage), deux étapes distinctes doivent être réalisées (figure 5 et 6) : la première comporte la sélection de points caractéristiques sur les divers tissus génériques (par exemple les surfaces d'attache). La deuxième permet la sélection de points sur les os du patient (fémur et pelvis) représentant la zone d'attache du tissu. A partir de ces deux espaces de points, une méthode d'interpolation (approximation) basées sur des splines, Thin Plate Spline interpolation[5] (TPS), est utilisée. Celle-ci permet de recaler les points caractéristiques du modèle générique sur les os et d'interpoler la position des autres points du mesh.

[5] http://www.cs.ucsd.edu/~sjb/pami_tps.pdf et
http://www.vtk.org/doc/nightly/html/classvtkThinPlateSplineTransform.html

Dans cette idée, un programme de base a été fourni par l'assistant permettant de charger des données telles que les os, les IRMs, les données segmentées, les ligaments, etc.., de disposer manuellement (un à un) et interactivement des points caractéristiques sur les IRMs et sur les modèles génériques et de recaler ceux-ci en utilisant TPS.



(a)



(b)



(c)

Figure 5 : (a) Sélection des points caractéristiques (en bleu) sur le modèle générique
(b) Sélection des zones d'attache sur les os (en bleu) (c) Recalage avec TPS

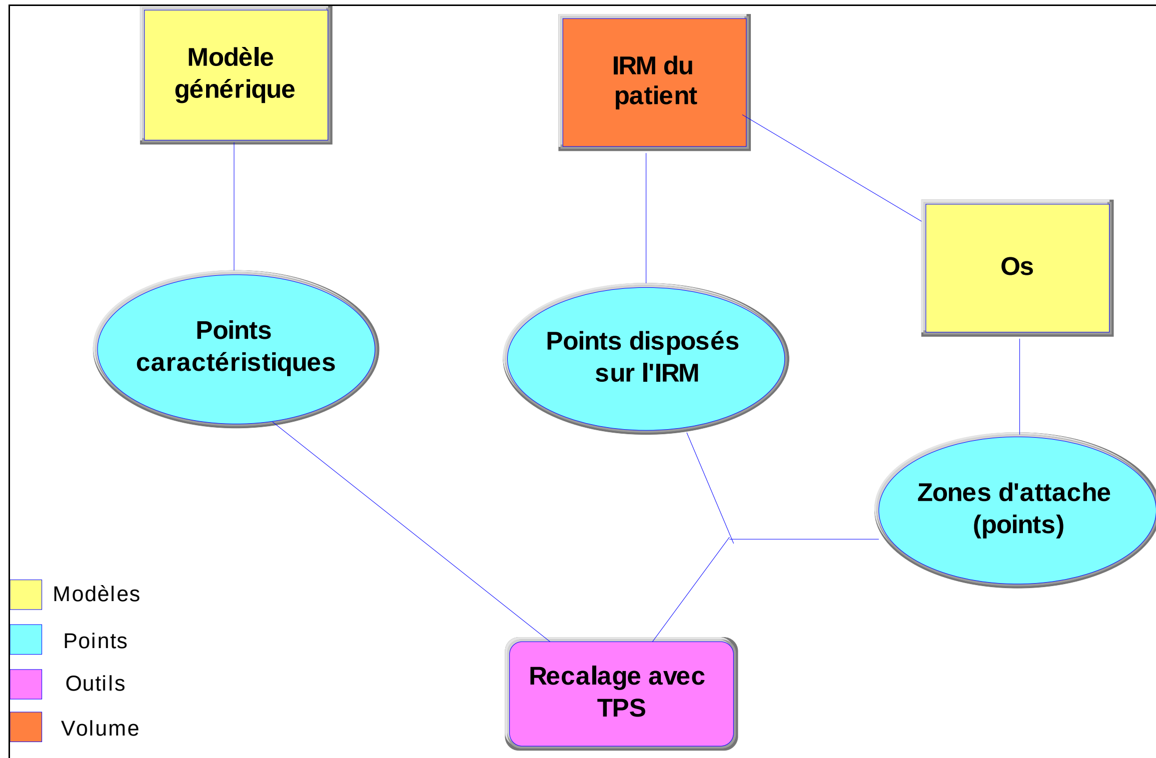


Figure 6 : Diagramme illustrant les étapes du recalage

Après étude de ce programme de base, nous avons remarqué que les techniques utilisées pour le recalage étaient périlleuses, manuelles et surtout très approximatives, car elles négligeaient les contraintes anatomiques (comme par exemple que le ligament soit parfaitement attaché à l'os). Dès lors, il semblait essentiel d'apporter de nouvelles solutions permettant d'optimiser ces méthodes, notamment en permettant la sélection automatique des points caractéristiques et des zones d'attache sur les os, ceci afin d'obtenir un recalage plus précis et plus réaliste. Dans ce cadre, les objectifs fixés pour ce mémoire ont été :

- D'étudier l'influence des paramètres du recalage, en particulier le nombre et la position des points caractéristiques, sur la qualité de recalage.

- D'incorporer des contraintes géométriques au processus de recalage : dans un premier temps, les contraintes prises en compte furent les liaisons avec les os et par la suite, le lien avec d'autres tissus.

- De tester la méthodologie de modélisation sur plusieurs types de tissu (labrum, cartilages et ligaments) et sur plusieurs sujets.

Le but de ce mémoire est donc d'étudier les possibilités d'optimisation de recalage en les rendant plus automatiques et de concevoir une application permettant de réaliser ces méthodes.

1.4 Etapes du projet et méthodologie

Ce projet consiste à étudier les limitations des techniques existantes de recalage de modèles 3D basées sur l'interpolation de splines, puis d'exploiter les résultats pour fournir de nouvelles méthodes d'optimisation et de les implémenter. Celles-ci sont par la suite soumises à différents tests sur plusieurs tissus et sujets.

Ce travail de licence a commencé fin juin 2004, où les étapes suivantes furent définies :

Tâches	Mois 1				Mois 2				Mois 3				Mois 4			
Etude documentaire (anatomie, C++, librairie VTK)	■	■														
Tests et étude du programme de base	■	■														
Implémentation de nouvelles techniques			■	■	■	■	■	■	■	■						
Tests sur plusieurs tissus et sujets								■	■	■	■					
Rédaction du rapport											■	■	■			
Défense du projet														■		

Tableau 2 : Calendrier des tâches

Pour mieux déceler les méthodes d'optimisation, le premier travail consistait à prendre connaissance des fonctionnalités, possibilités et limitations du programme de base. Pour se faire, des tests de recalage ont été accomplis et ceux-ci ont tout de suite démontré l'inefficacité de telles techniques. Parallèlement à cette démarche d'apprentissage, une première prise de contact avec l'anatomie et la lecture de coupes d'IRMs de la hanche était nécessaire, notamment afin d'être capable de réaliser ces premiers tests et d'obtenir une compréhension générale de la physiologie articulaire.

Le langage choisi pour ce programme étant C++, langage parfaitement adapté à ce type d'opération de traitement, il fallait aussi entreprendre une remise à niveau dans ce domaine et comprendre les librairies VTK[6] (Visualization ToolKit), consistant en un ensemble de classes C++ et supportant une large variété d'algorithmes de visualisation et de techniques de modélisation. A ce niveau, il paraît indéniable qu'une bonne maîtrise de ces librairies VTK apporterait un gain de temps certain dans le développement des méthodes futures et fournirait un éventail supplémentaire évident de possibilités d'optimisation. Dans ce contexte, il était d'ailleurs important de prendre rapidement en main la plate-forme Microsoft Visual Studio.NET qui m'était jusqu'alors méconnue.

L'étude documentaire étant terminée et ayant analysé les limitations du programme, une première liste de solutions a été ébauchée, celle-ci tenant compte des caractéristiques

[6] http://www.vtk.org/

anatomiques et géométriques de chaque tissu à recaler. Après avoir posé les bases de mon travail, j'ai commencé à implémenter (à l'aide de mes nouvelles connaissances en C++ et à VTK) chacune de ces méthodes. Certaines se sont avérées inutiles, d'autres ont fortement amélioré l'utilisation globale du programme ou en ont augmenté sa souplesse.

Une fois le développement achevé, une première série de tests a été élaborée en respectant uniquement les contraintes de liaison avec les os. Après réflexion et discussion avec mon assistant, j'ai remarqué que certaines de mes méthodes étaient un peu approximatives et qu'il fallait les modifier. Une fois celles-ci corrigées, une deuxième série de tests a été réalisée avec des modèles génériques de haute résolution. Ainsi, tous les tissus génériques disponibles ont été recalés selon les contraintes de liaison avec les os, mais aussi en détectant la collision avec d'autres tissus. Pour valider les tests, j'ai utilisé deux sujets – les os d'un homme et d'une femme issus de leurs IRMs - ainsi que les données segmentées et les IRMs du patient correspondant.

2 Analyse du problème

Le recalage des modèles génériques

Comme je l'ai déjà mentionné dans l'introduction, le recalage comporte deux étapes principales. La première constitue la sélection de points caractéristiques sur les divers tissus génériques (par exemple les surfaces d'attache). La deuxième permet la sélection de points sur les os (fémur et pelvis) représentant la zone d'attache du tissu. Afin de recaler et adapter le modèle générique au patient, une méthode d'interpolation basée sur des splines est utilisée. Dans le cadre de ce projet, nous avons choisi Thin Plate Spline interpolation (parmi bien d'autres techniques de déformation) qui connaît une large diffusion dans les applications de traitement graphique. Son appellation vient du fait que la déformation calculée par cette méthode correspond à celle d'une plaque mince (Thin Plate). TPS comporte plusieurs caractéristiques qu'il s'agit de respecter. Elles vont évidemment conditionner les solutions d'optimisation envisagées.

On a vu que notre analyse portait sur un caractère important du mesh : les points. En effet, TPS décrit une transformation non-linéaire définie par un ensemble de points sources (les points caractéristiques) et un ensemble de points cibles (les points définis sur l'os). A partir de ces deux espaces de points, TPS remplace la coordonnée de chaque point source par celle du point cible et calcule la position des autres points du mesh par interpolation. Chaque point caractéristique agit comme point d'influence sur les autres points du mesh, c'est à dire qu'un point du mesh proche d'un point source sera recalé à une position proche du point cible correspondant et les points entre deux seront interpolés (figure 7).

L'inconvénient de cette technique, est que la correspondance de chaque point cible avec son point source doit être connue et que les deux ensembles de points doivent être de taille égale et ordonnés identiquement. Le cas échéant, la déformation prendra des figures non conformes (figure 8).

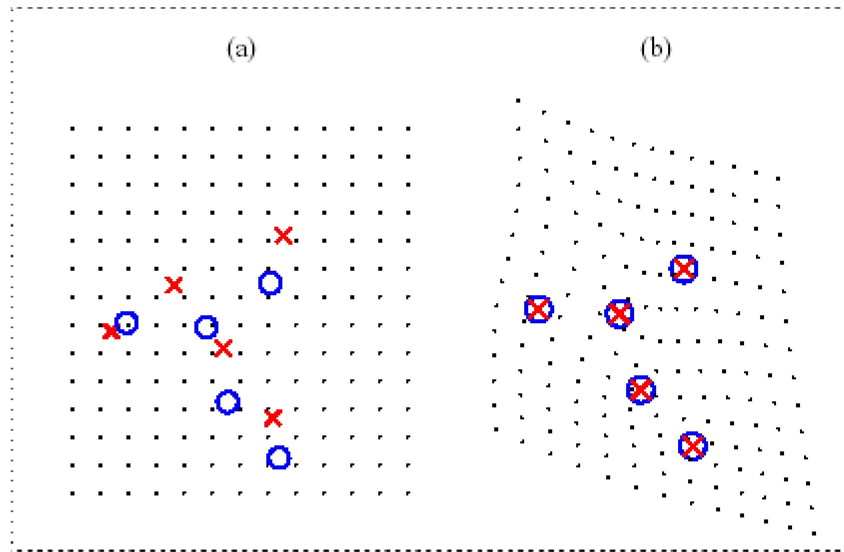
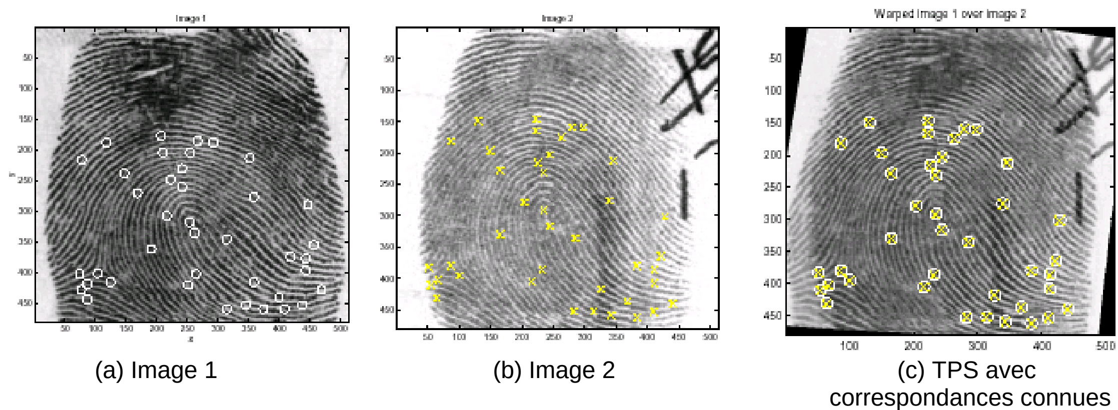


Figure 7 : Simple exemple de transformation de coordonnées utilisant TPS[7]. On considère 2 ensembles de points (croix et rond) pour lesquels nous assurons la correspondance (a). TPS permet un parfait alignement des points et le recourbement de la grille montre la déformation nécessaire pour que les 2 ensembles de points soient confondus (b).



(a) Image 1 (b) Image 2 (c) TPS avec correspondances connues

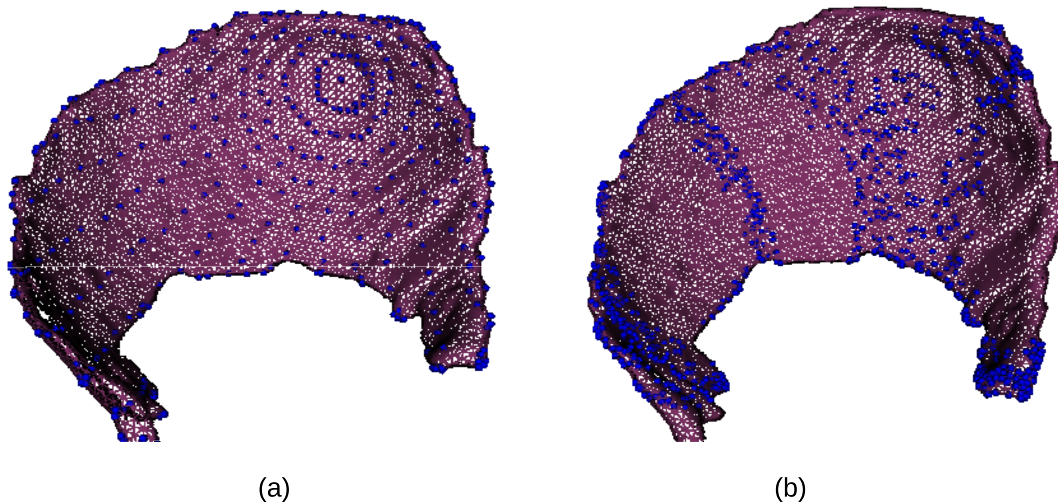
Figure 8 : (a-b) Images originales avec leurs markers correspondants (c) Superposition des images 1 et 2 et déformation en utilisant TPS pour que les markers coïncident[8].

[7] http://www.cs.ucsd.edu/~sjb/pami_tps.pdf
[8] http://www.ceremade.dauphine.fr/~cohen/mypapers/wacv00.pdf

Reste à étudier l'influence des paramètres du recalage, en particulier le nombre et la position des points caractéristiques, sur la qualité de recalage. Dans les 2 cas, le but est d'obtenir une déformation acceptable, préservant les proportions générales de la surface du mesh, tout en minimisant le temps de calculs.

Au niveau du nombre de points, on peut constater l'observation suivante : plus celui-ci est élevé, plus la déformation et la répartition des points sur le mesh sont bonnes, mais plus le temps de calculs est conséquent. Effectivement, on a un accroissement du nombre de points d'influence sur le mesh qui minimise le nombre de points approximés par interpolation, vu que ceux-ci sont directement recalés. Il faudra donc trouver un nombre de points idéal sans diminuer la performance.

En ce qui concerne la position des points caractéristiques, nous avons remarqué que les proportions étaient mieux préservées, si les points étaient régulièrement répartis sur le mesh (figure 9). Ceci permet d'améliorer l'approximation pour les points entre deux points sources, car un point du mesh proche d'un point source est recalé à une position proche du point cible correspondant.



(a) (b)

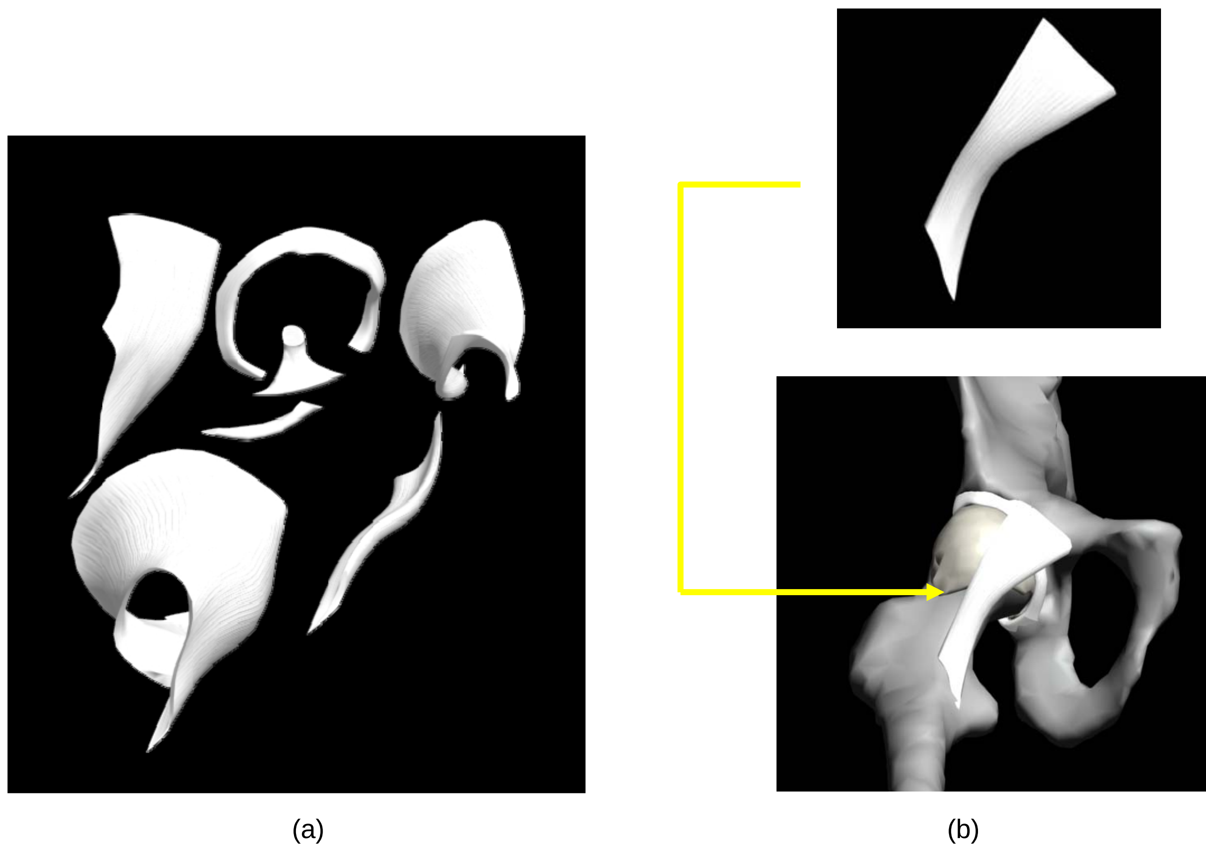
Figure 9 : (a) Répartition parfaite des points caractéristiques (en bleu) sur le modèle générique, les proportions sont bien préservées (b) Répartition aléatoire.

Dans le programme de base, les techniques implémentées admettaient uniquement de placer des points isolés manuellement et négligeaient de prendre en compte la topologie du mesh. De ce fait, il n'était pas possible de disposer un grand nombre de points sur le mesh car ceci devenait trop fastidieux et la déformation était par conséquent mauvaise. Dès lors, il paraissait nécessaire de trouver des méthodes d'optimisation permettant de sélectionner automatiquement les points optimaux, en respectant les deux conditions sus-mentionnées (performance et conservation des proportions).

Méthodes d'optimisation proposées

Les solutions de recalage proposées reposent sur deux éléments essentiels : elles doivent rendre le programme plus automatique, plus souple et doivent s'appuyer sur des contraintes géométriques et anatomiques.

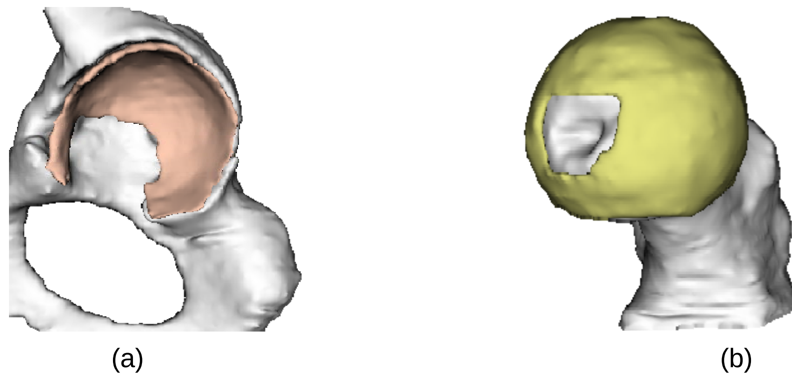
Les ligaments possèdent une géométrie filiforme et doivent être fixés à l'os par leurs deux extrémités (figure 10). Nous allons donc chercher des procédés permettant de sélectionner l'ensemble des points caractéristiques constituant les contours des surfaces d'attache (les extrémités) et en faisant de même sur l'os, les points des zones d'attache du ligament.



(a) (b)

Figure 10 : (a) Les ligaments génériques de la hanche (b) Contrainte : le ligament doit être fixé à l'os par ses deux extrémités

Pour les cartilages, leur géométrie diffère fortement de celle des ligaments. En effet, ceux-ci ressemblent à des demi-sphères (cartilage de l'acétabulum) ou à des sphères « trouées » (cartilage fémoral). Ici, nous n'allons plus nous intéresser à leurs extrémités mais à l'ensemble de leur surface, car celle-ci est complètement collée à l'os (figure 11). Il faudra donc chercher des procédés sélectionnant la plupart des points de surface que ce soit sur le cartilage ou sur l'os.



(a) (b)

Figure 11 : (a) Cartilage de l'acétabulum en forme de demi-sphère
(b) Cartilage fémoral en forme de sphère « trouée »

Voici la liste des solutions envisagées qui seront brièvement décrites (les caractéristiques plus techniques seront détaillées dans le chapitre suivant) :

1) Les techniques de sélection des points caractéristiques :

➢ *Sélection par un plan des points du contour de la surface d'attache du ligament* :

Il s'agit de disposer un plan parallèle à la surface d'attache du ligament et de calculer l'intersection de celui-ci avec les points du modèle générique. Si les points appartiennent au plan, ils sont sélectionnés. En revanche, cet ensemble de points est classé aléatoirement, d'où la nécessité de conserver et d'ordonner uniquement les points du contour, afin d'assurer, par la suite, la correspondance pour TPS (figure 12).

Cette technique paraissait intéressante, mais je me suis très vite rendue compte qu'elle était limitée. En effet, elle se borne aux surfaces planaires et nous rencontrons de nombreuses difficultés à ordonner les points correctement, car la seule information exploitable est de sélectionner pas à pas, pour chaque point, celui du contour le plus proche. Ainsi, on devrait obtenir une chaîne ordonnée, ce qui n'est malheureusement pas le cas. Nous avons donc abandonné cette méthode.

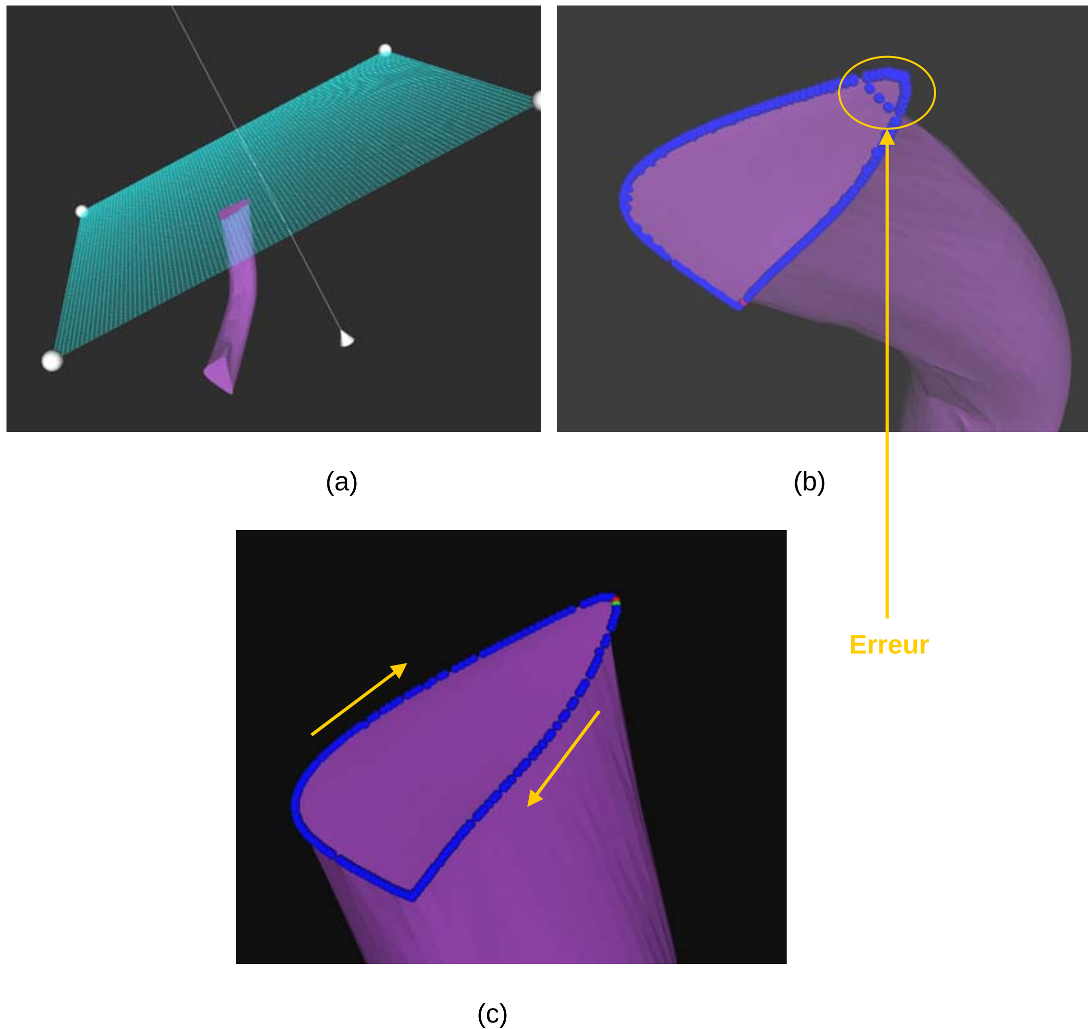


Figure 12 : (a) Plan parallèle à la surface d'attache du ligament (b) Résultat obtenu avec le plan : on remarque que les points caractéristiques ne sont pas correctement ordonnés (c) Résultat souhaité : chaîne ordonnée

➢ *Sélection par une spline des points du contour de la surface d'attache du ligament* :

Après l'échec du plan, c'est avec la spline que j'ai décidé de poursuivre. Il suffit de disposer une spline sur le contour de la surface d'attache. Celle-ci va sélectionner les points du mesh nécessaires, tout en les ordonnant automatiquement (figure 13). C'est cette solution que nous avons retenue pour les ligaments.

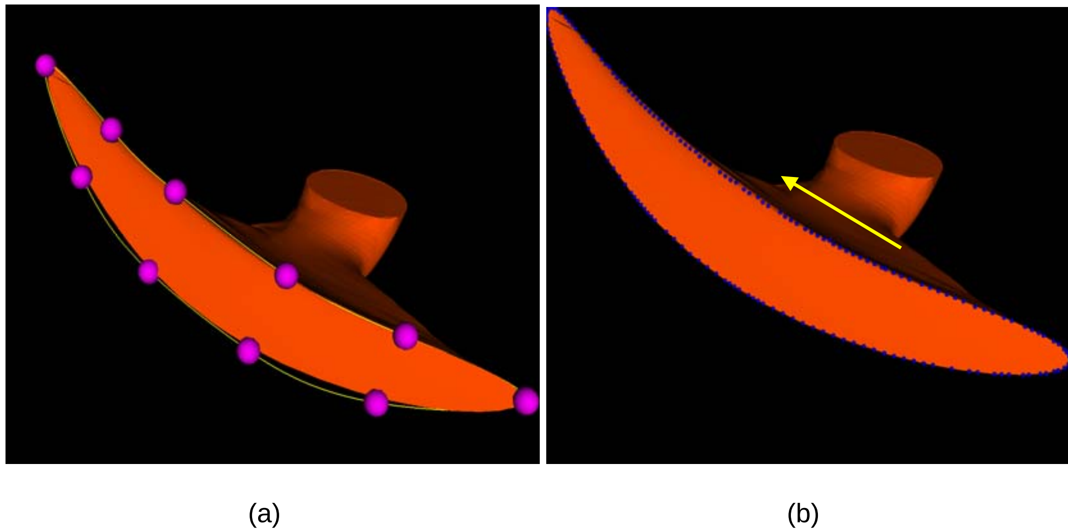


Figure 13 : (a) Spline disposée sur le contour de la surface d'attache (les petites sphères roses représentent les points de contrôle de la spline permettant de déplacer ou de déformer celle-ci) (b) Points caractéristiques sélectionnés par la spline, ils sont automatiquement ordonnés

- *Sélection des points de courbure maximale du cartilage en tant que surface d'attache :*

Les cartilages possédant des surfaces courbes, j'ai pensé calculer pour chaque point du mesh leur coefficient de courbure et ainsi conserver uniquement les points de courbure maximale. Pour se faire, j'ai utilisé l'algorithme de Gauss. Malheureusement, ce procédé n'a pas fourni les résultats attendus. En effet, les coefficients de l'algorithme de Gauss possèdent des signes différents selon la topologie du mesh[9]. Le signe négatif, lorsque la surface ressemble à une selle et positif lorsqu'elle ressemble à une sphère (figure 14).

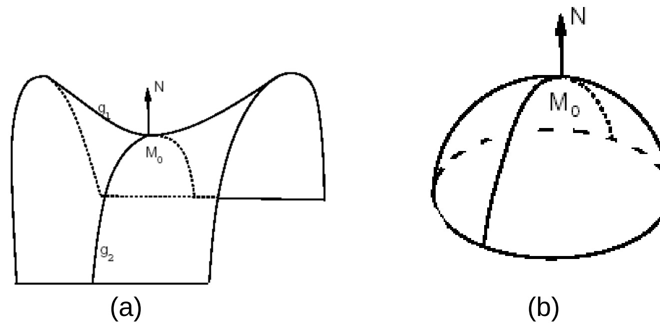


Figure 14 : (a) Courbure négative (b) Courbure positive[10]

De ce fait, je croyais pouvoir sélectionner les points de la surface externe du cartilage en calculant les courbures positives maximales et la surface interne avec les courbures négatives maximales. Or, le mesh étant irrégulier (alternance de bosses et de trous), j'avais des points des deux côtés (figure 15). J'ai donc écarté cette méthode.

[9] http://www.umpa.ens-lyon.fr/JME/Vol1Num1/artSBarre/artSBarre.pdf
[10] idem

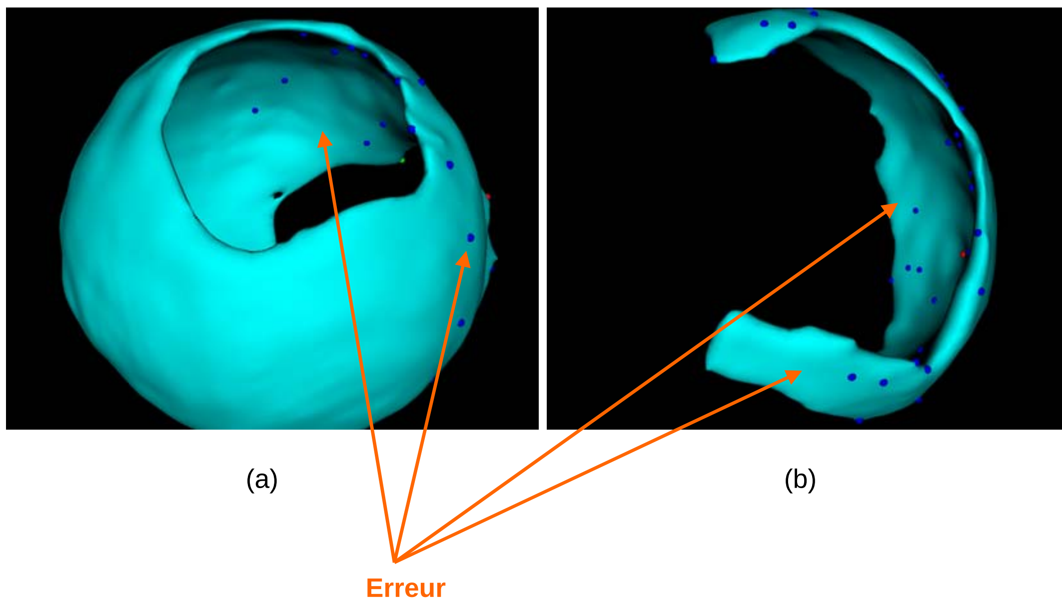


Figure 15 : (a-b) Des points des deux côtés sont sélectionnés

➢ *Sélection par une sphère des points de la surface d'attache du cartilage :*

Pour obtenir la surface d'attache des cartilages, c'est une sphère qui semblait le plus efficace et nous avons donc retenu cette solution. En disposant une sphère englobante, celle-ci permet de sélectionner les points de la surface externe et a contrario, les points internes à l'aide d'une sphère inscrite (figure 16).

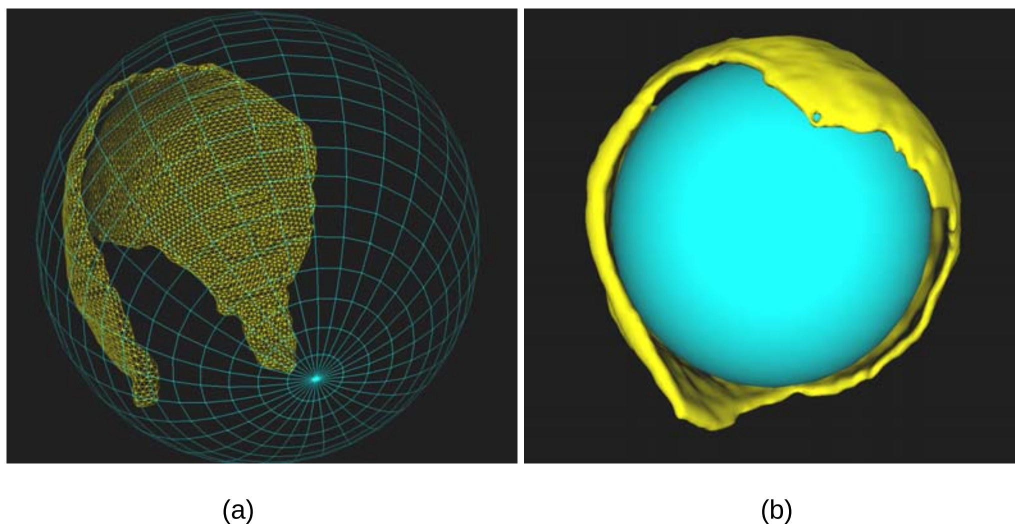
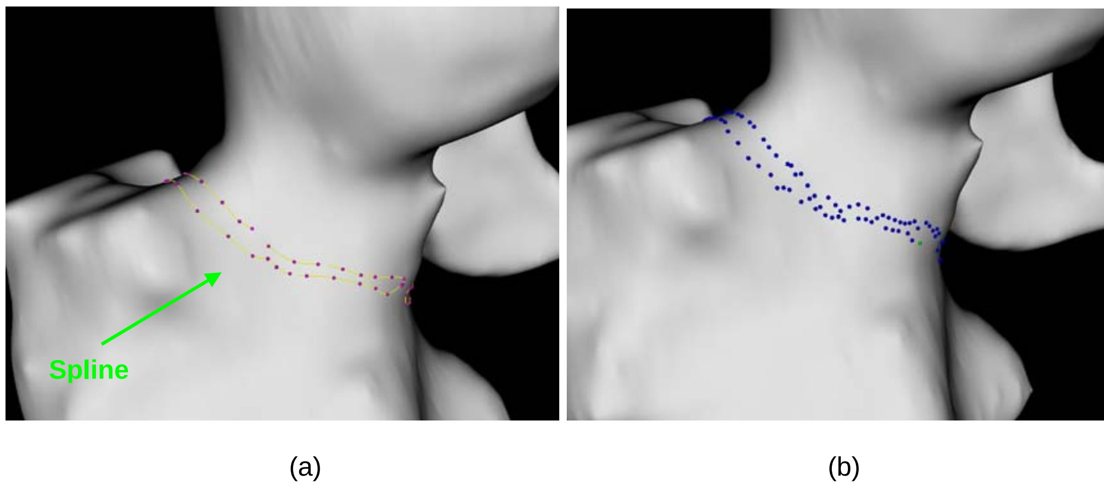


Figure 16 : (a) Sphère englobante (pour le cartilage de l'acétabulum)
(b) Sphère inscrite (pour le cartilage fémoral)

2) Les techniques de sélection des zones d'attache sur les os :

➢ *Sélection par une spline de la zone d'attache des ligaments sur les os :*

Ici, même principe que pour les modèles génériques, une spline correspondant à la zone d'attache, est disposée sur l'os. Celle-ci sélectionne les points du mesh nécessaires, tout en les ordonnant automatiquement (figure 17). La seule différence est qu'il faut vérifier que la sélection comporte le même nombre de points que la sélection sur le modèle générique, sinon nous ne pourrons pas assurer la correspondance pour TPS.

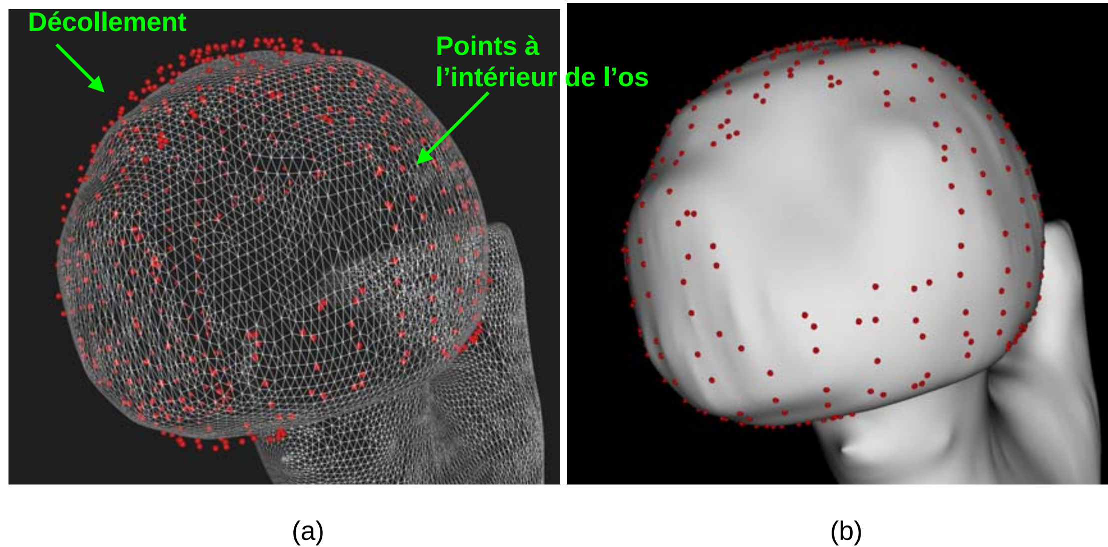


(a) (b)

Figure 17 : (a) Spline représentant la zone d'attache (b) Points sélectionnés par la spline

➢ *Sélection de la surface d'attache des cartilages sur les os :*

Les cartilages ne possédant pas de contour d'attache mais d'une surface, la méthode des splines n'est pas adaptée. Le procédé utilisé ici, consiste à sélectionner pour chaque point caractéristique, le point de l'os le plus proche (figure 18). Ils seront donc directement recalés et la correspondance pour TPS sera garantie.



(a) (b)

Figure 18 : (a) Points devant être recalés (le cartilage ne figure pas pour raison de clarté) : on voit qu'ils ne sont pas collés à la surface ou qu'ils sont à l'intérieur de l'os (b) Après manipulation, les points collent maintenant parfaitement à l'os

3) Paramétrage de TPS :

On a vu que si l'on augmentait le nombre de points caractéristiques, on obtenait une déformation et une répartition des points sur le mesh meilleures, mais que l'accroissement du temps de calculs était aussi proportionnel. Dans cette idée, j'ai pensé qu'il serait intéressant de paramétrer TPS afin de pouvoir définir manuellement le nombre de points souhaité, ceci donnant plus de souplesse et de contrôle au programme.

3 Mise en œuvre

3.1 Structure générale de l'application

Une application de modélisation de modèles 3D anatomiques implique de pouvoir visualiser différentes données, afin de les manipuler. Dans ce but, un programme de base a été fourni par l'assistant permettant de charger des données telles que les os, les IRMs, les données segmentées, les ligaments, etc.., de disposer manuellement et interactivement des points caractéristiques sur les IRMs et sur les modèles génériques et de recaler ceux-ci en utilisant TPS.

Ce programme se compose de trois modules principaux (figure 19) : une première fenêtre permet la visualisation 3D des données et de disposer des objets interactivement (après amélioration) comme les outils de sélection (plan, sphère, spline). Une deuxième fenêtre est utilisée pour l'affichage de l'IRM et des images segmentées associées au volume visionné dans la première fenêtre. Cette seconde fenêtre est

automatiquement mise à jour, lorsque l'utilisateur change de vue. Finalement, une boîte de dialogue assure l'interaction avec l'utilisateur, contrôle et paramètre les outils de visualisation, de sélection et de recalage. Celle-ci permet aussi de sauvegarder les données.

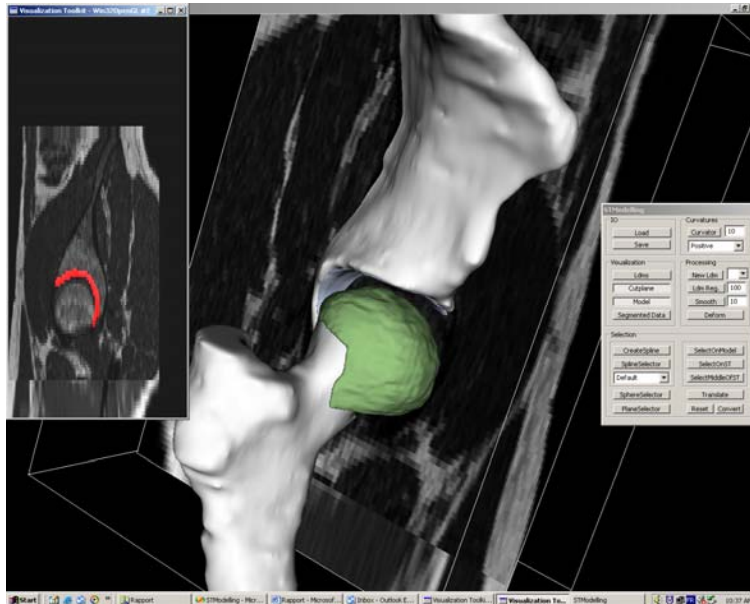


Figure 19 : Le programme : à gauche l'IRM, à droite la boîte de dialogue et au centre les données

3.2 Le programme : description procédurale

Avant de détailler les méthodes d'optimisation, je désire revenir quelques instants, sur la procédure générale appliquée pour la modélisation anatomique des tissus mous. Comme on l'a déjà vu, le travail de recalage se réalise en plusieurs temps (figure 20).

Tout d'abord, l'utilisateur charge le modèle générique qu'il souhaite adapter, puis sélectionne et enregistre ses points caractéristiques à l'aide des outils de sélection suivant la topologie du mesh. Cette manipulation n'est effectuée qu'une seule fois. En effet, les points caractéristiques sont invariants, vu que nous utilisons les modèles génériques comme référence globale.

Ensuite, l'utilisateur affiche le fémur ou le pelvis (ou les deux) afin de sélectionner la surface d'attache. La technique de sélection dépendra à nouveau du modèle générique, mais il devra veiller à sélectionner un ensemble de points identique en nombre (par rapport à la sélection de l'étape précédente) et à l'ordonner correctement pour TPS.

Une fois les sélections achevées, il ne reste plus qu'à recaler le modèle avec TPS. Le ligament (ou le cartilage), ainsi adapté, est alors sauvegardé.

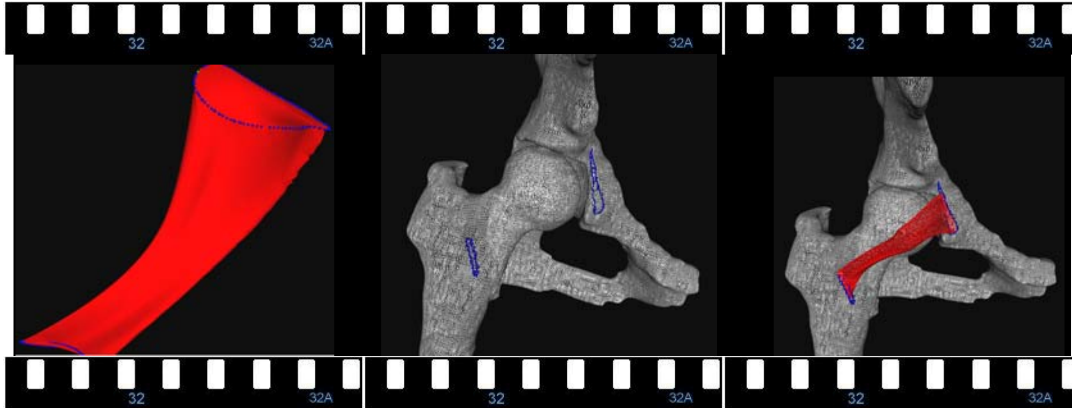


Figure 20 : Procédure de recalage

3.3 Méthodes d'optimisation implémentées

Dans cette section, je vais développer chaque technique implémentée en écartant, celles qui n'ont apporté aucune amélioration au programme (cf. 2.2).

1) Les outils de sélection :

La sphère :

De part leur caractère sphérique, cet outil est utilisé pour les cartilages. Nous l'avons déjà mentionné au paragraphe 2.2, la sphère permet de sélectionner les points caractéristiques facilement, en la disposant manuellement autour ou à l'intérieur du cartilage (suivant la surface qu'il s'agit de sélectionner).

Comme n'importe quel objet 3D, la sphère est représentée par un ensemble de points interliés. Cette technique récupère donc leurs coordonnées et recherche pour chacun d'eux, le point du modèle générique le plus proche. Evidemment, il est nécessaire que le système mette à jour les coordonnées quand l'utilisateur la déplace.

Dans le cas du cartilage de l'acétabulum, nous souhaitons obtenir la surface externe pour le recalage, ceci étant réalisé à l'aide de la sphère englobante. Ici, une difficulté supplémentaire se présente. En effet, il est nécessaire de restreindre la recherche du point le plus proche, afin d'éviter que la sphère ne sélectionne un point de la surface interne (figure 21 et 22). Ceci étant réalisé facilement si l'on limite la recherche plus ou moins à la moitié du rayon de la sphère (R/2).

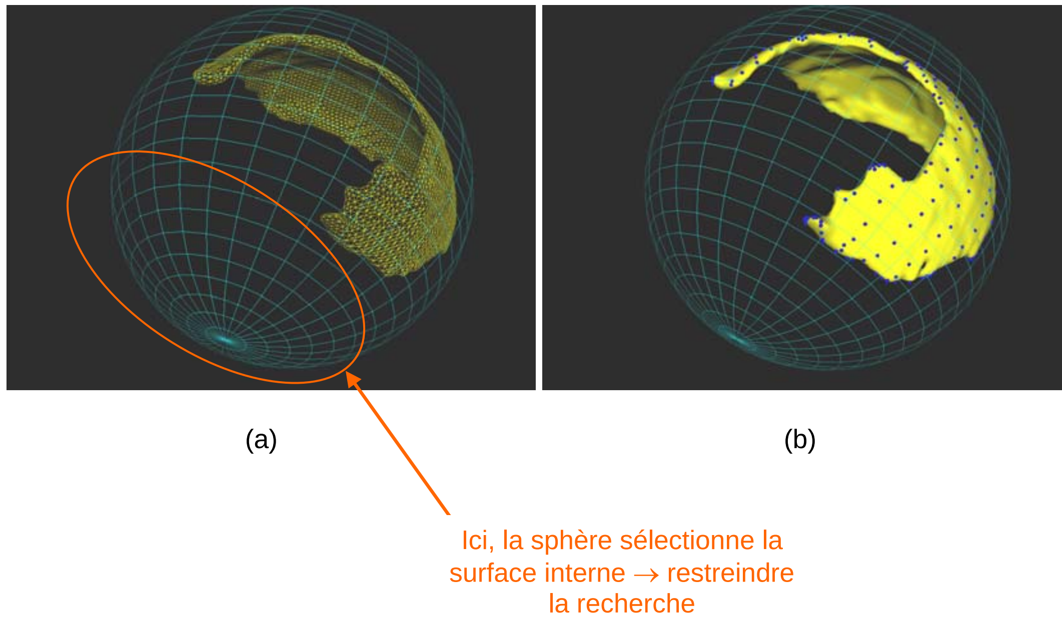


Figure 21 : (a) Zone demandant une restriction de recherche
(b) Résultat : aucun point interne n'est sélectionné

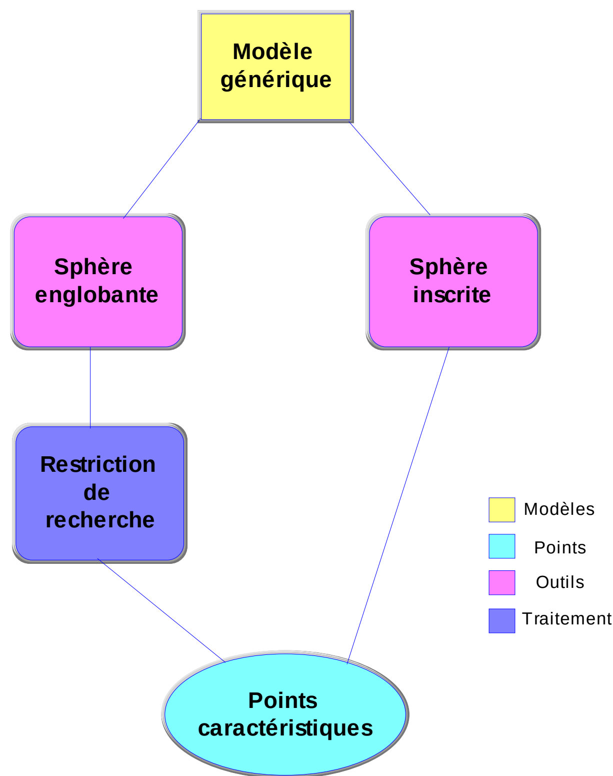


Figure 22 : Procédure avec la sphère

La spline :

La spline se définit comme un ensemble de points ordonnés, attachés de bout en bout et possède des points de contrôle permettant de la déplacer et d'en modifier sa forme. Elle est utilisée pour deux manipulations différentes : la sélection des points caractéristiques et la sélection des zones d'attache. Dans les deux situations, le mécanisme est identique à quelques exceptions près.

Comme pour la sphère, l'idée est de parcourir la spline en récupérant la position de chaque point – qui doit être mise à jour à chaque déplacement - et en recherchant le point du ligament ou de l'os le plus proche (figure 23). Ainsi, un contour se dessine et l'ordre des points est assuré.

Quant à la sélection des zones d'attache, une différence est à noter : il est impératif que le nombre de points sélectionnés soit égal au nombre de points de la sélection sur le modèle générique (cf. 2.1), sinon la déformation sera mauvaise car TPS nécessite le même de points en entrée qu'en sortie (figure 23). Dans ce but, le système propose à l'utilisateur de choisir avec quel ligament et quelle sélection du modèle il souhaite faire la correspondance. Dès lors, le système sélectionne automatiquement le nombre de points nécessaire.

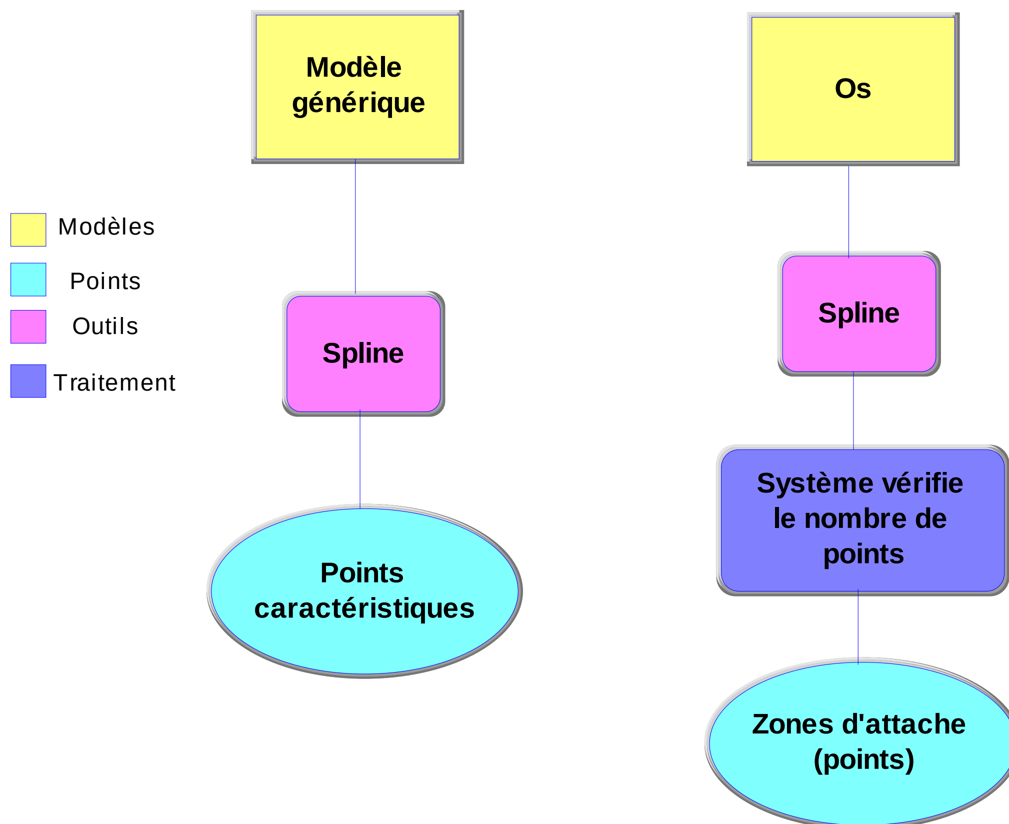
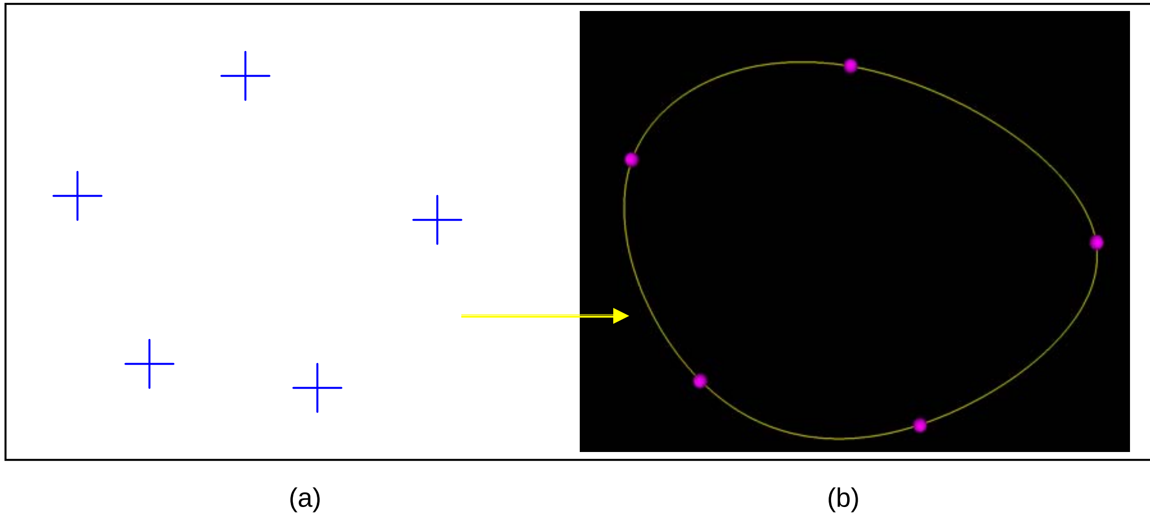


Figure 23 : Procédure avec la spline. A gauche, sélection des points caractéristiques et à droite sélection des zones d'attache

Pour disposer la spline dans la scène, plusieurs solutions s'offrent alors. L'utilisateur a la possibilité de positionner celle-ci manuellement en agissant sur les points de contrôle ou de charger une spline existante à partir d'un fichier et de l'adapter au besoin ou encore de placer des points dans l'espace et de créer la spline passant par ces points qui deviendront alors les nouveaux points de contrôle (figure 24). Cette dernière méthode est particulièrement pratique, car elle permet de sélectionner plus rapidement le contour d'un ligament et elle crée une zone d'attache plus facilement à partir de points disposés sur l'IRM. Ceci est particulièrement utile lorsque l'on connaît la position approximative d'un ligament mais que la zone d'attache ne peut pas être définie exactement.



(a) (b)

Figure 24 : (a) Points placés dans l'espace (croix en bleu) (b) Spline passant par ces points (les points deviennent les points de contrôle de la spline)

On remarque donc que la spline joue un rôle majeur dans notre application. De plus, grâce à sa flexibilité, cet outil peut être utilisé dans d'autres procédés. Par exemple, elle peut être utile pour définir la zone d'attache des muscles (figure 25). Ceci ayant été réalisé, dans le cadre de ce projet, après les tests (cf. 4.2).

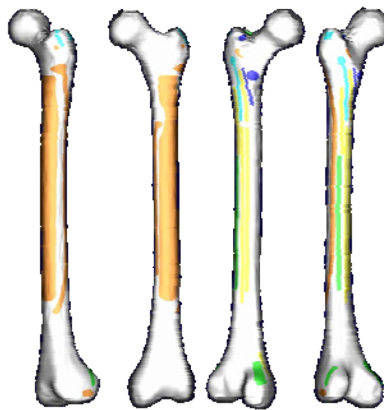


Figure 25 : Les couleurs représentent les zones d'attache des différents muscles sur le fémur[11]

[11] http://www.tecno.ior.it/VRLAB/researchers/repository/MuscleSF/MuscleSF.jpg

2) Recalage des cartilages :

La surface du cartilage doit coller parfaitement à l'os. De ce fait, le procédé utilisé ici, consiste à sélectionner pour chaque point caractéristique, le point de l'os le plus proche (figure 26). Ils seront donc directement recalés et la correspondance pour TPS sera garantie.

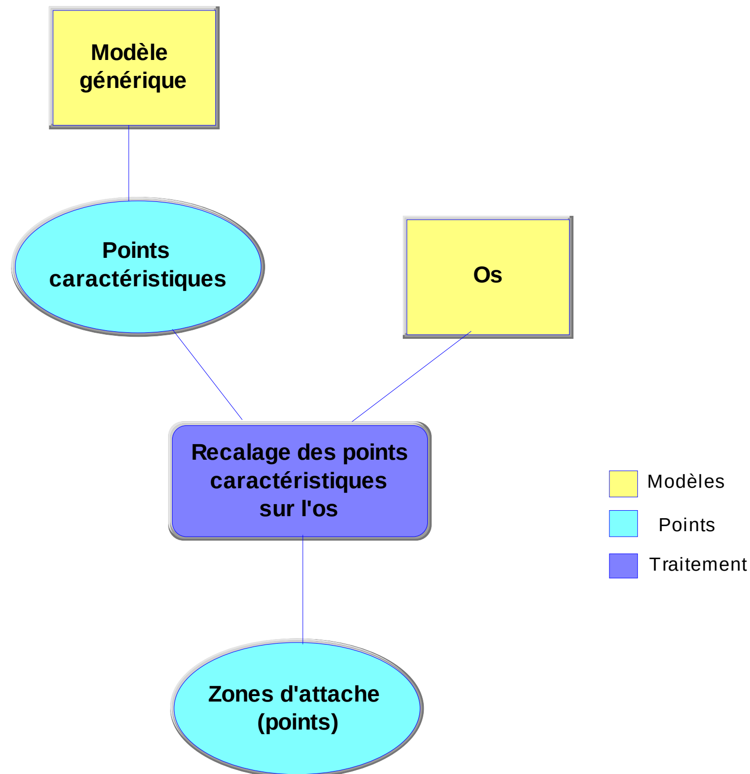


Figure 26 : Procédure de recalage des points caractéristiques des cartilages

Evidemment, la surface d'attache doit avoir tout de suite la bonne orientation. Le cas échéant, la position du cartilage par rapport à l'os sera mauvaise. Heureusement, le cartilage est un tissu facile à segmenter. Nous aurons donc aisément son orientation exacte.

3) Paramétrage de TPS :

On l'a vu, un nombre de point élevé est un facteur fâcheux pour la performance du programme. En laissant à l'utilisateur le choix du nombre de points (une zone de texte a été prévue à cet effet), le système acquiert beaucoup plus de souplesse. On verra dans les tests par la suite, que le nombre de points sélectionnés par les techniques de sélection automatique tourne autour des 400 points, ce qui est conséquent. Avec le paramétrage, l'utilisateur a la possibilité de réduire ce nombre, tout en gardant une bonne répartition sur le mesh, condition à respecter si l'on veut obtenir une déformation acceptable.

4) Déformation dynamique du ligament et de sa zone d'attache correspondante :

Cette technique permet de visualiser dynamiquement le changement de sélection sur l'os et la déformation correspondante du ligament. Lorsque l'utilisateur modifie la forme ou la position de la spline, il peut demander au système d'afficher directement les transformations conséquentes, c'est à dire les nouveaux points sélectionnés sur l'os et la déformation nécessaire pour que l'extrémité du ligament puisse correspondre à cette sélection. Ceci est relativement pratique pour évaluer ou modifier le résultat du recalage rapidement.

4 Résultats, critiques et améliorations

4.1 Les données de test

Toutes les données de tests ont été fournies par l'assistant. Une première série de tests a été élaborée en respectant uniquement les contraintes de liaison avec les os. Après réflexion et discussion avec celui-ci, certaines méthodes étaient un peu approximatives et ont été modifiées. Une fois celles-ci corrigées, une deuxième série de tests a été réalisée avec des modèles génériques de haute résolution. Ainsi, tous les tissus génériques disponibles (cf. paragraphe 1.2) ont été recalés selon les contraintes de liaison avec les os, mais aussi en détectant la collision avec d'autres tissus. Pour valider les tests, j'ai utilisé deux sujets – les os d'un homme et d'une femme issus de leurs IRMs - ainsi que les données segmentées et les IRMs du patient correspondant.

4.2 Résultats et commentaires

D'une manière générale, les méthodes implémentées ont apporté beaucoup de souplesse au programme. Elles sont plus automatiques, plus simples et plus rapides à manipuler. Nous constatons aussi que peu de différences séparent les deux sujets.

Je vais maintenant successivement commenter les deux séries de tests :

Première série de tests :

La sélection des points caractéristiques, quelque soit l'outil utilisé, s'est déroulée sans problème. Les techniques ont été concluantes avec tous les modèles génériques et ces outils permettent de sélectionner parfaitement le contour d'attache des ligaments et les surfaces d'attache des cartilages.

Pour le recalage, les résultats diffèrent suivant le type de modèle générique. En ce qui concerne les cartilages, le résultat est excellent. La surface des deux modèles colle parfaitement à l'os, aucune zone d'encastrement (dans l'os) n'est à relever. Pour les ligaments, les premiers tests sont satisfaisants. La zone d'attache est nettement plus facile à sélectionner et à manipuler et les extrémités collent correctement à l'os. Les contours sont assez nets sauf lorsque le corps du ligament est trop étiré. En revanche,

on constate trop de déformation et un manque d'épaisseur au niveau du corps, car aucun point à ce niveau-là n'est pris en compte dans TPS. D'ailleurs, ce problème devient même catastrophique pour les ligaments ilio-fémoral et ischio-fémoral (figure 27). Etant fortement en rotation, ceux-ci traversent en grande partie le fémur et leurs zones d'attache sont décollées.

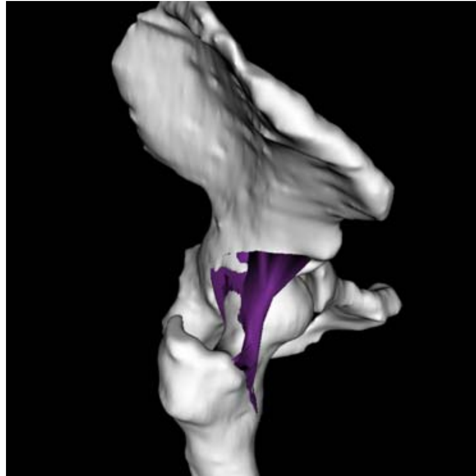


Figure 27 : Le ligament ilio-fémoral présente une rotation d'arrière (attache sur le pelvis) en avant (attache sur le fémur). On remarque qu'il est fortement déformé et qu'il traverse la tête fémorale.

Deuxième série de tests :

Pour les seconds tests, nous avons préféré utiliser des ligaments de plus haute résolution, afin d'obtenir une meilleure interpolation. Le nombre de points étant plus élevé, j'ai dû re-sélectionner les points caractéristiques. Cette fois-ci, la sélection a été plus ardue à réaliser, car le mesh étant mieux défini, il est plus irrégulier. Toutefois, le résultat est identique aux précédents tests.

Concernant le recalage, les cartilages n'ont pas été re-testés, ceux-ci ayant déjà une résolution élevée. Par contre, pour les ligaments, nous avons remarqué qu'il serait intéressant d'ajouter des points caractéristiques entre les deux extrémités du ligament, ainsi la répartition des points sur le mesh serait plus uniforme et la déformation serait meilleure. Dans ce but, nous avons utilisé la spline pour sélectionner ces points sur les ligaments (selon le même principe qu'expliqué plus haut). Quant à l'autre sélection, il fallait un peu modifier la méthode. En effet, j'ai dû implémenter un moyen de sélectionner ces points supplémentaires directement sur la spline (figure 28), vu que le corps du ligament n'est pas attaché à l'os. Au moment du recalage, on spécifiera avec la spline, par où le modèle devra passer. C'est à dire qu'il suffit de disposer celle-ci dans la scène de façon à représenter le contour du ligament en son milieu, puis de cliquer sur le bouton de sélection prévu à cet effet. Le système propose à l'utilisateur de choisir avec quel ligament et quelle sélection du modèle il souhaite faire la correspondance, puis sélectionne automatiquement le nombre de points nécessaire (figure 29). Grâce à cette technique, nous avons considérablement amélioré les premiers tests et nous évitons les collisions avec l'os ou d'autres tissus. Le corps du ligament possède une meilleure épaisseur, ces proportions globales sont mieux conservées, mais il reste quand même

des améliorations à faire, surtout pour les ligaments ilio-fémoral et ischio-fémoral qui demeurent encore insatisfaisants.

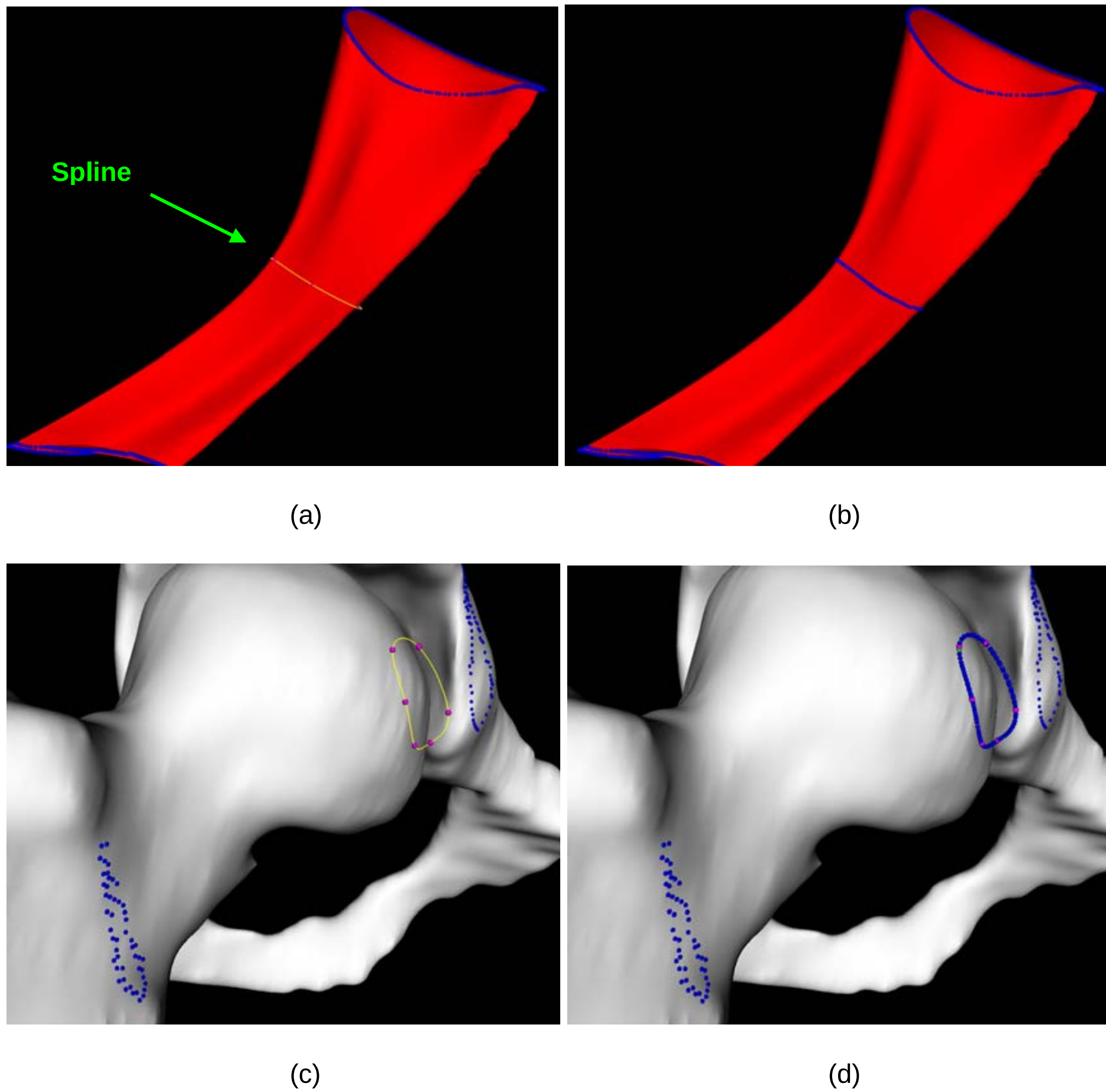


Figure 28 : (a) Sélection avec la spline des points caractéristiques du ligament en son milieu (b) Les points sont sélectionnés selon le principe habituel (c) La spline définit le contour du ligament en son milieu (d) Les points sont sélectionnés sur la spline

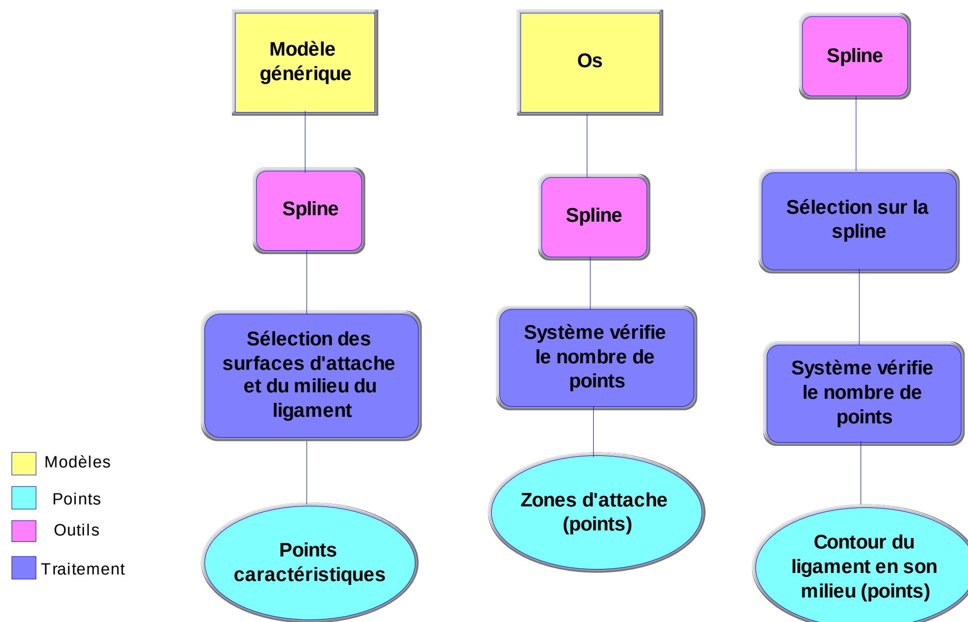
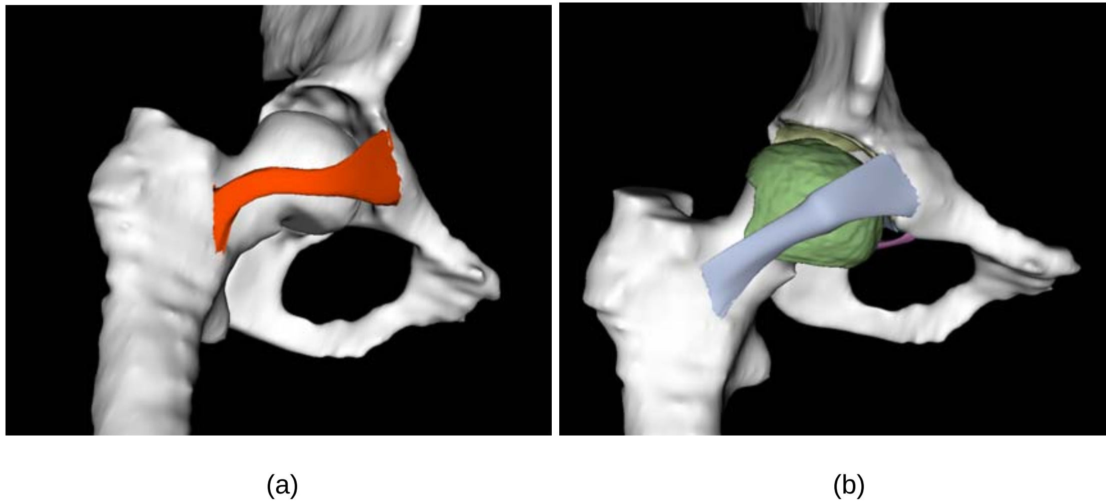


Figure 29 : Procédure avec prise en compte du contour du ligament en son milieu. A gauche la sélection sur le modèle générique, au centre la sélection des zones d'attache sur les os et à droite la sélection du contour du ligament en son milieu.

Pour cette deuxième série, c'est à ce moment-là que nous avons pensé paramétrer TPS. Nous ne voyions pas l'utilité de le faire plus tôt, car les ligaments utilisés avant avaient une résolution faible. Grâce à cette optimisation, nous avons gagné de précieuses secondes.

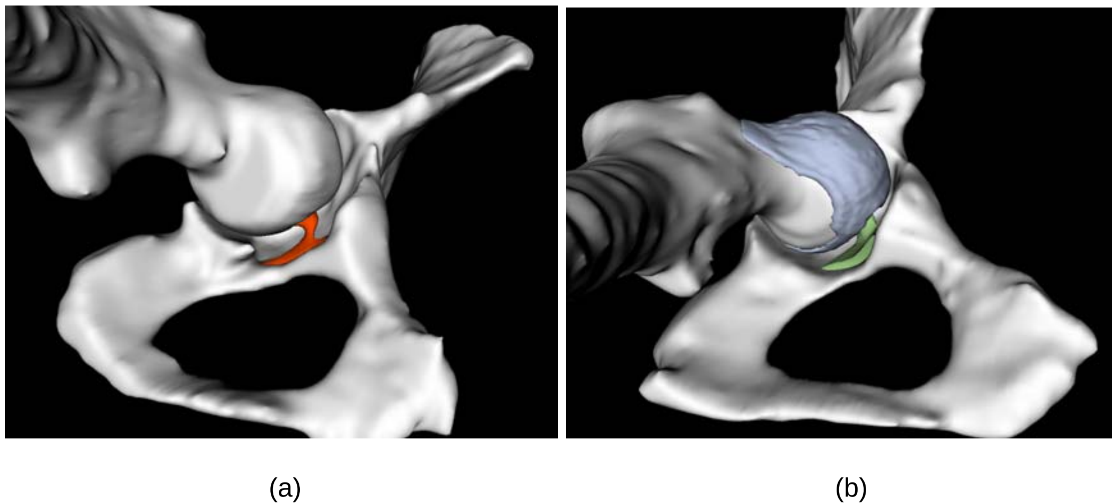
Dans les pages qui vont suivre, vous trouverez un tableau comparatif des résultats (tableau 3) et quelques illustrations du recalage des ligaments et des cartilages génériques sur les os de deux patients (une homme et une femme), basé sur leurs IRMs et les données segmentées correspondantes (figures 30 à 32).

Tableau à ajouter à l'impression.



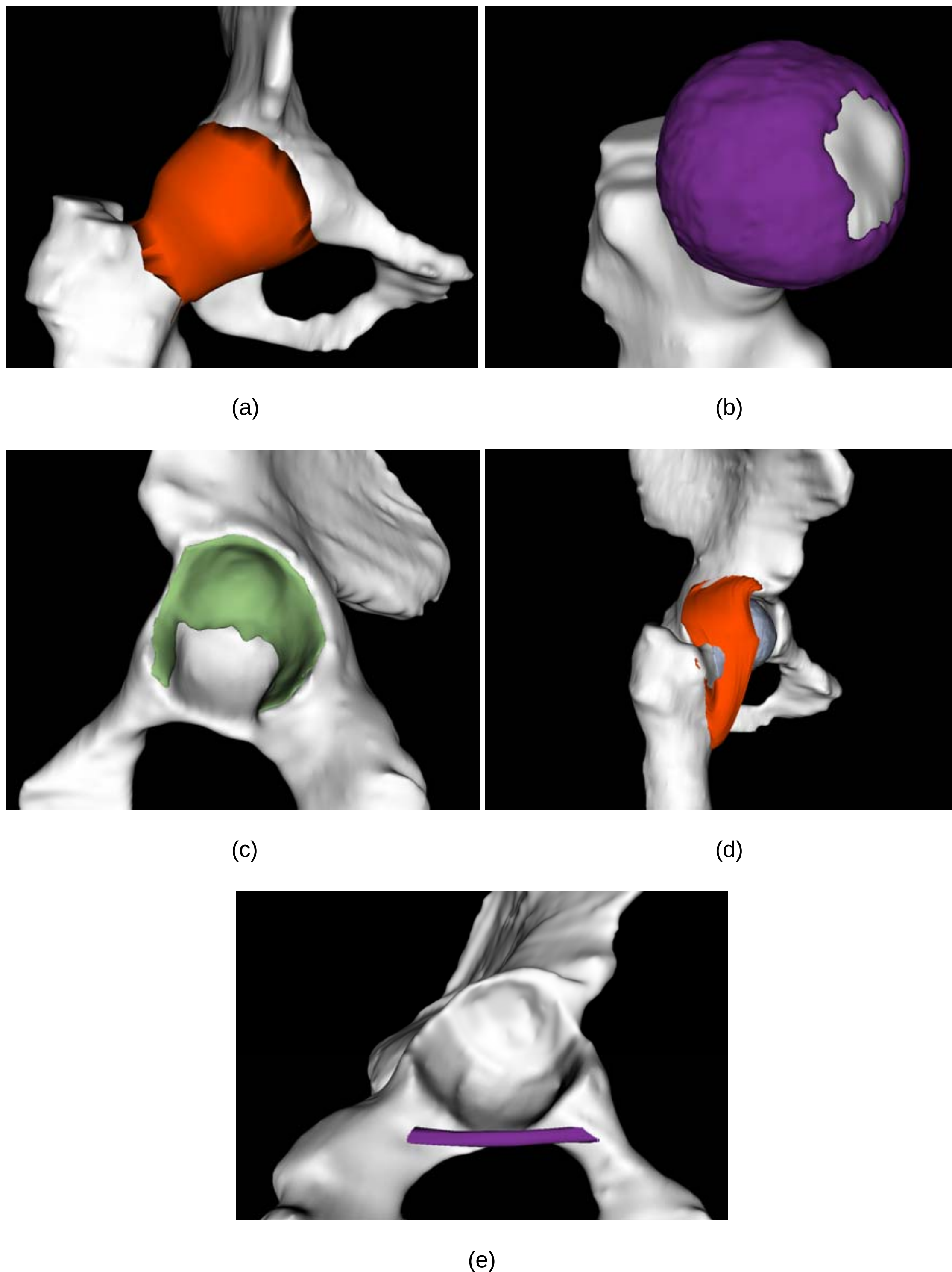
(a) (b)

Figure 30 : (a) Modèle homme : ligament pubo-fémoral (Série 1)
(b) Modèle homme : ligament pubo-fémoral et autres tissus (Série 2)



(a) (b)

Figure 31 : (a) Modèle homme : ligament rond (Série 1)
(b) Modèle homme : ligament rond et cartilage fémoral (Série 2)



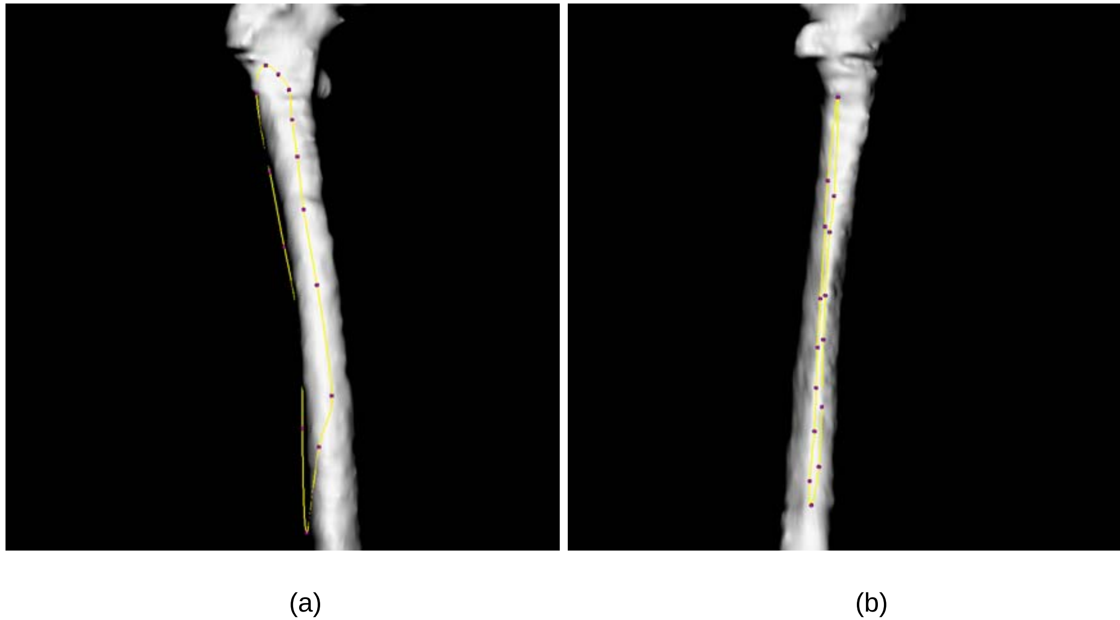
(a) (b)

(c) (d)

(e)

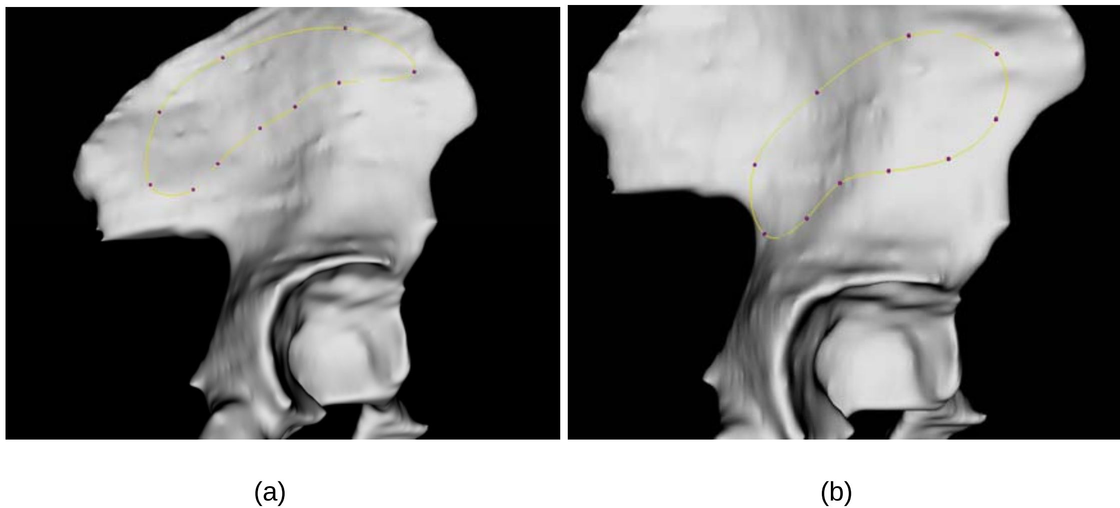
Figure 32 : (a) Modèle homme : capsule articulaire (Série 2) (b) Modèle femme : cartilage fémoral (Série 1) (c) Modèle femme : cartilage de l'acétabulum (Série 1) (d) Modèle femme : ligament ilio-fémoral et cartilage fémoral en arrière-plan (Série 2). On constate que le ligament traverse encore la tête fémorale (e) Modèle femme : ligament transverse (Série 1)

Voici quelques exemples de sélection des zones d'attache des muscles sur le fémur et le pelvis du patient masculin :



(a) (b)

Figure 33 : (a) Modèle homme : insertion du muscle vaste intermédiaire
(b) Modèle homme : insertion du muscle grand adducteur



(a) (b)

Figure 34 : (a) Modèle homme : insertion du muscle moyen fessier
(b) Modèle homme : insertion du muscle petit fessier

4.3 Critique globale et améliorations

Le bilan est plutôt positif. Globalement, les nouvelles techniques apportent plus de souplesse et d'autonomie au programme. La sélection des points caractéristiques sur les modèles génériques, quelque soit l'outil, fonctionne parfaitement dans les deux séries de tests. Pour le recalage des cartilages, les résultats sont excellents, mais comme je l'ai déjà mentionné, il faut que la segmentation soit correctement exécutée au préalablement si l'on veut obtenir une bonne orientation. Enfin, pour les ligaments, on constate une nette amélioration dans la deuxième série de tests, mais il reste encore du travail à fournir si l'on veut acquérir encore un meilleur recalage.

Dans ce but, plusieurs améliorations seraient envisagées comme :

- D'ajouter des contraintes de déformation permettant de conserver automatiquement les proportions générales du ligament ou son volume.
- D'analyser les possibilités de recalage, autres que TPS.
- De recaler les angles anatomiques du patient par rapport aux modèles génériques, c'est à dire de s'assurer que les os du patient soient bien dans la même orientation que les modèles génériques.
- D'améliorer l'interaction avec l'IRM en plaçant plusieurs points sur l'image lorsque le ligament est visible et ainsi obtenir une position plus précise de celui-ci lors du recalage.
- De calculer automatiquement le nombre de points nécessaire par rapport à la répartition spatiale du modèle générique.
- Concernant la portabilité du programme, nous envisageons aussi de réutiliser les zones d'attache (les splines) d'un patient et de les adapter automatiquement à un autre, ceci permettant de gagner énormément de temps et de rendre le programme plus indépendant.

5 Conclusion

5.1 Commentaires

Ce projet a été mené avec le défi de construire une application complète en exploitant les méthodes issues de recherches en optimisation de traitement graphique. Plusieurs méthodes ont été mises en avant et toutes ont été inclues dans le programme final. Certes, certaines se sont avérées inutiles, mais d'autres ont fortement amélioré l'utilisation globale du programme ou en ont augmenté sa souplesse. Malgré les améliorations qu'il reste à accomplir, ce projet a constitué une certaine réussite dans l'optimisation des méthodes de recalage et encourage la recherche de nouveaux procédés.

Ce travail de licence était intéressant grâce à l'axe de recherche étudié et aux outils utilisés pour la mise en oeuvre. En effet, la réalisation d'une application complète à l'aide d'un langage objet comme C++ et la découverte des librairies VTK, faisaient partie des aspects stimulants de ce projet. De plus, travailler dans un domaine tel que la modélisation médicale constitue un sujet particulièrement passionnant. L'étude des techniques de recalage et de modélisation 3D ainsi que leurs optimisations laissent paraître un futur intéressant grâce à l'infinité de possibilités de développement et aux divers enjeux qu'implique la recherche médicale.

6 Références

6.1 Livres

Frank H. Netter, M.D. in : Maloine ed. *Atlas d'anatomie humaine*. 9th edition, 1997.

I. A. Kapandji. in : Moloine ed. *Physiologie articulaire*. 4th edition.

Williams, Warwick, Dyson & Bannister. in : Churchill Livingstone ed. *Gray's Anatomy*. 37th edition, 1989.

H. Petersson & D. Allison. in: Isis Medical Media ed. *The Encyclopaedia of Medical Imaging*. 1998.

Imagerie médicale, *Séminaires aux étudiants en médecine de 1ère, 2e et 3e année*, Université de Genève, 2001.

Torsten B. Möller – Emil Reif. in : Médecine – Sciences, Flammarion ed. *Atlas d'anatomie en coupes sériées, TDM-IRM.* 2nd edition, 2001.

H. Schild. in : First Interactive ed. *Référence complète C++.* 2002.

Commissions romandes de mathématique, de physique et de chimie. in : Tricorne ed. *Formulaires et tables.* 2000.

6.2 Internet

Ressources et documentation : www.cplusplus.com

Librairies VTK : www.vtk.org/doc/nightly/html

Standard Template Library (STL) :
http://www.linuxselfhelp.com/HOWTO/C++Programming-HOWTO-17.html et
http://www.msoe.edu/eecs/cese/resources/stl/

Courbure de Gauss : http://www.umpa.ens-lyon.fr/JME/Vol1Num1/artSBarre/artSBarre.pdf

Thin Plate Spline interpolation :
http://www.cs.ucsd.edu/~sjb/pami_tps.pdf et
http://www.ceremade.dauphine.fr/~cohen/mypapers/wacv00.pdf

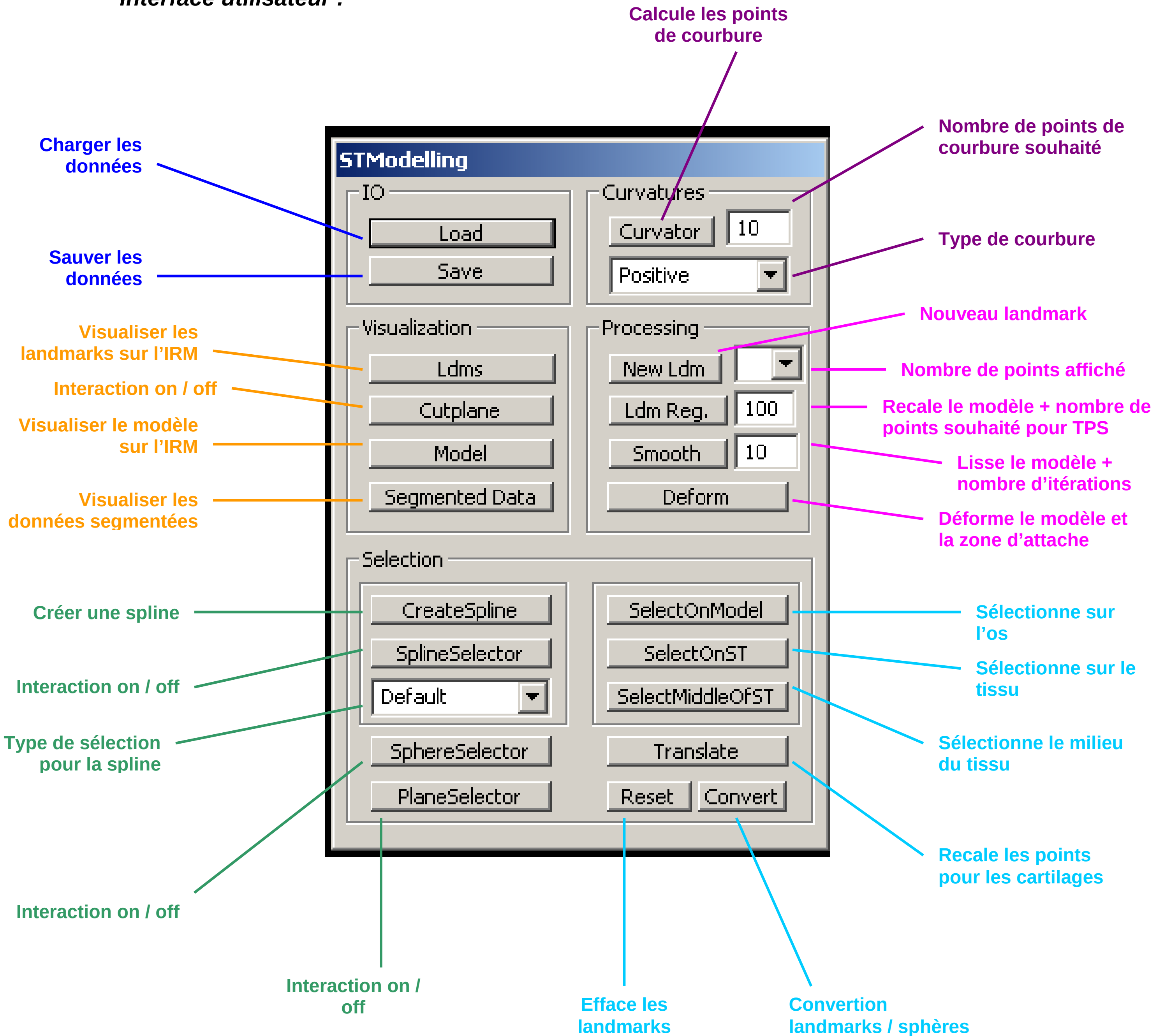
6.3 Cours

G. Falquet : Tableaux et tri. *Structure de données*, Université de Genève, 2003.
http://cui.unige.ch/isi/cours/std/present04/

7 Annexes

7.1 Manuel d'utilisation

Interface utilisateur :



Procédure complète de recalage (cf. aussi point 3.2) :

1) Pour sélectionner les points caractéristiques :

- Chargez le modèle en cliquant sur ‘Load‘ (fichier .ST).

- Choisissez l’outil de sélection : a) pour la sphère appuyez sur ‘SphereSelector’ et placez-la autour ou à l’intérieur du cartilage. *Attention, la sphère doit être correctement collée à la surface sinon les points ne seront pas sélectionnés !* b) pour la spline appuyez sur ‘SplineSelector’ et placez-la sur le ligament en agissant sur les points de contrôle. Utilisez le type de sélection ‘Default’ (le mode ‘Restrictive’ n’étant plus nécessaire, vu que l’on utilise des ligaments de haute résolution).

- Si vous utilisez la spline, enregistrez-la (en .SP) à l’aide du bouton ‘Save’, sinon passez à l’étape suivante.

- Sélectionner les points caractéristiques en cliquant sur ‘SelectOnST’.

- Pour la spline, répéter 2 fois les 3 étapes précédentes (pour avoir les 2 zones d’attache et les points sur le corps).

- Enregistrer les points caractéristiques (en .txt) à l’aide du bouton ‘Save’.

2) Pour sélectionner les zones ou les surfaces d’attache :

- Chargez l’os (ou les os) en cliquant sur ‘Load‘ (fichier .vtk).

- Pour les ligaments, cliquez sur ‘SplineSelector’ et disposez la spline sur l’os à l’endroit désiré. Appuyez ensuite sur ‘SelectOnModel’, le système vous demandera de spécifier avec quel ligament et quels points caractéristiques du modèle vous voulez faire correspondre la zone d’attache (donnez le ligament et la spline qui a sélectionné ces points). Répéter l’opération pour la seconde zone d’attache. Finalement, placez la spline de façon à ce qu’elle détermine par où le ligament doit passer et cliquez sur ‘SelectMiddleOfST’, le système vous demandera à nouveau de spécifier avec quel ligament et quels points caractéristiques du modèle vous voulez faire correspondre la sélection.

- Pour les cartilages, appuyez sur ‘Translate’, le système vous demandera de spécifier quels points caractéristiques vous voulez recaler.

- Laissez vos points affichés à l’écran pour le recalage.

3) Recaler le modèle avec TPS :

- Spécifier le nombre de points pour TPS dans la zone de texte prévue à cet effet, puis cliquez sur 'Ldm Reg', le système vous demandera de spécifier quels points caractéristiques vous voulez utiliser pour le recalage.

- Enregistrez le modèle (en .ST) avec le bouton 'Save'.

Autres fonctionnalités utiles :

1) Pour créer une spline à partir de landmarks : appuyez sur 'New Ldm' et placez le landmark dans la scène à l'endroit souhaité. Répétez cette dernière action suivant le nombre de points de contrôle nécessaire, puis appuyez sur 'CreateSpline' et 'SplineSelector' pour l'afficher. *Attention, les landmarks doivent être positionnés dans le bon ordre (0,1,2,…) sinon la spline ne sera pas correctement ordonnée.*

2) Pour effacer les landmarks : cliquez sur 'Reset'.

3) Pour lisser le modèle : définissez le nombre d'itérations dans la zone de texte puis appuyez sur 'Smooth'.

4) Pour convertir les points (petites sphères) en landmarks interactifs et vice versa : cliquer sur 'Convert'.

5) Pour déformer le modèle ou la sélection dynamiquement : lorsque le modèle ou l'os (ou les 2) et que la spline sont affichés, appuyez sur 'Deform', le système vous demandera de spécifier avec quel ligament et quels points caractéristiques du modèle vous voulez faire correspondre la zone d'attache et la déformation (donnez le ligament et la spline qui a sélectionné ces points). Vous verrez la nouvelle sélection de points sur l'os s'afficher et la déformation du tissu correspondant.

6) Pour visualiser les IRMs et les données segmentées :

- Chargez l'IRM et les données segmentées en cliquant sur 'Load' (fichier .sMRI et .segm).

- Pour changer la vue de l'IRM, appuyer sur 'Cutplane' et déplacez le plan représentant la coupe IRM dans la fenêtre de données.

- Pour visualiser les landmarks sur l'IRM (dans la petite fenêtre) appuyer sur 'Ldms'.

- Pour visualiser le modèle générique sur l'IRM (dans la petite fenêtre) appuyer sur 'Model'.

- Pour visualiser les données segmentées sur l'IRM (dans la petite fenêtre) appuyer sur 'Segmented Data'.